

CRISTIAN SILVA TEIXEIRA

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS E DE
MARÇA, ESTRUTURA DE POPULAÇÃO E DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM
EQUINOS MANGALARGA MARCHADOR**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

Orientadora: Yamê Fabres Robaina S. da Silva

Coorientadora: Daniele Botelho Diniz Marques

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2024**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

T266p
2024
Teixeira, Cristian Silva, 1991-
Parâmetros genéticos para características morfológicas e de
marcha, estrutura de população e depressão endogâmica em
equinos Mangalarga Marchador / Cristian Silva Teixeira. –
Viçosa, MG, 2024.

1 tese eletrônica (83 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Yamê Fabres Robaina Sancler da Silva.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Zootecnia, 2024.

Inclui bibliografia.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2024.522>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Mangalarga Marchador (Cavalo) - Melhoramento
Genético. 2. Mangalarga Marchador (Cavalo) - Morfologia.
3. Depressão por endogamia. I. Silva, Yamê Fabres Robaina
Sancler da, 1987-. II. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Zootecnia. Programa de Pós-Graduação em
Zootecnia. III. Título.

CDD 22. ed. 636.10821


CRISTIAN SILVA TEIXEIRA

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS E DE
MARCHA, ESTRUTURA DE POPULAÇÃO E DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM
EQUINOS MANGALARGA MARCHADOR**


Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 10 de junho de 2024.

Assentimento:

Documento assinado digitalmente
 **CRISTIAN SILVA TEIXEIRA**
Data: 27/08/2024 08:05:50-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Cristian Silva Teixeira
Autor

Documento assinado digitalmente
 **YAMÉ FABRES ROBAINA SANCLER DA SILVA**
Data: 26/08/2024 19:56:37-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Yamê Fabres Robaina Sancler da Silva
Orientadora

DEDICATÓRIA

Ao eterno orientador, professor e amigo Fabyano Fonseca e Silva. Seu legado perdura em cada página desta tese, e esta é minha humilde maneira de prestar homenagem a você, que deixou uma marca indelével em minha jornada acadêmica. Mesmo após sua partida, suas lições e conselhos continuam a guiar meus passos.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus e à Nossa Senhora Aparecida, em quem encontrei força e inspiração, por me guiarem ao longo desta jornada acadêmica. Minha fé fortaleceu minha determinação e me deu esperança nos momentos de dificuldade e incertezas que enfrentei ao longo desse caminho. Agradeço por suas bênçãos e inspiração, que me permitiram alcançar este marco em minha jornada acadêmica. Que todo o conhecimento adquirido e compartilhado neste trabalho possa servir como uma expressão de gratidão.

À Associação Brasileira dos Criadores do Cavallo Mangalarga Marchador (ABCCMM), pela solicitude em disponibilização dos dados. Agradecimento especial aos colaboradores da ABCCMM, Henrique Machado, Thiago Rezende e Nicolas Andrade, que participaram espontaneamente deste trabalho. Vocês merecem meu eterno agradecimento.

À minha querida professora e orientadora Yamê Fabres, pela orientação paciente e dialógica, pela autonomia proporcionada, pelas palavras sábias e pontuais, pelas diversas sugestões, por acreditar em mim. Pessoa admirável e um grande exemplo de dedicação, competência e inteligência, realizando seu trabalho de forma brilhante, e ainda ajuda todos à sua volta. Sempre disponível e disposta a ajudar. Obrigado por todo conhecimento transmitido, contribuição, exemplo de humildade e pela convivência agradável no dia-a-dia. Você é mais do que uma orientadora para mim, é uma mentora e um exemplo a seguir.

À coorientadora, professora Daniele Botelho, por sua contribuição fundamental nessa tese. Suas sugestões, orientações e críticas construtivas foram fundamentais para moldar a direção desta pesquisa. Sua parceria e colaboração proporcionaram uma orientação abrangente e enriquecedora, aprimorando meu entendimento sobre o assunto.

Aos professores Delvan, Érica Beatriz, Edilson Rezende, Renata Veroneze e Fernanda pelos olhares atentos e por serem tão solícitos. Cada um de vocês desempenhou um papel fundamental em enriquecer e aprimorar este estudo com suas análises críticas e sugestões construtivas. Suas contribuições foram essenciais para elevar a qualidade e a relevância desta tese.

À Eula Carrara por sua contribuição valiosa e essencial à minha tese. Sua expertise, apoio e colaboração foram fundamentais para alcançar o sucesso. Suas ideias e feedback crítico contribuíram significativamente para o aprimoramento da dissertação. Além disso, agradeço por compartilhar seu tempo e experiência, responder às minhas perguntas e discutir os tópicos relacionados ao assunto demonstrou seu comprometimento e generosidade. Muito obrigado por toda ajuda e dedicação.

Agradecimento especial deste trabalho em memória dos meus queridos professores Fabyano Fonseca e Giovanni Ribeiro. Embora eles não estejam mais entre nós, seus legados e influências continuam a inspirar minha jornada acadêmica. Vocês foram mais do que professores, eternos amigos, cuja dedicação à educação e paixão pelo conhecimento eram verdadeiramente notáveis. Suas memórias são constantes fonte de inspiração, e a vocês dedico essa conquista.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia UFV e Programa de Pós Graduação em Estatística, pelo rico aprendizado e pelas aulas memoráveis.

Aos funcionários da Secretaria do Programa de Pós Graduação em Zootecnia da UFV, em especial a querida Fernanda e Gabriel, pela atenção, suporte, pela assistência na logística, administração e organização das atividades relacionadas à pesquisa. Obrigado por trabalharem incansavelmente nos bastidores. Seus comprometimentos e apoio foram essenciais para o sucesso deste projeto.

À minha mãe, obrigada por ensinar não só a mim, mas a toda família os valores mais preciosos de um ser humano: a humildade, o amor e o respeito ao próximo. Sem você nada teria graça. Meu amor por você é infinito!

A minha mãe e meu pai me inspiraram com seu compromisso, dedicação ao aprendizado e valores sólidos. Suas lições de perseverança e determinação moldaram meu caráter e me motivaram a superar desafios e alcançar meus objetivos acadêmicos.

Obrigado, meus queridos irmãos, sobrinho, cunhados e afilhados, por fazerem parte desta jornada e por serem uma fonte constante de motivação e alegria na minha vida. Esta conquista também é de vocês, e dedico este trabalho a vocês com todo o meu carinho e gratidão.

Aos amigos da graduação e pós-graduação, em especial ao Pedro Brasil, que levarei para o resto da vida, nossa jornada não foi apenas uma busca por conhecimento, mas também uma celebração da amizade e do companheirismo. As discussões estimulantes, o apoio nos momentos de pressão e a capacidade de nos motivarmos mutuamente foram essenciais para meu crescimento e sucesso.

Aos amigos da UFV para vida, Gabriela Cumani, Luana Cardoso, Pedro Turquia, Lucas Biscotto, Luis Henrique e Paulo, conviver com vocês ao longo dos anos foi sensacional. Muito obrigada por toda forma de ajuda, pela companhia, pelas inúmeras conversas e risadas. Mesmo com a distância física dos rumos da vida, sempre estarão presentes nos pensamentos e orações. Vocês são muito especiais.

Aos verdadeiros e excepcionais amigos/irmãos Tiago Toledo, Wilker, Thiago Vieira, Davi, Tiago Martins, Bruno Fontes, Artur, Renan, Felipe, Ytalo e Leo que tornaram essa

jornada mais leves e me fortaleceram quando mais precisei. Suas amizades são o alicerce em que construí não apenas este trabalho, mas também minha vida. Nos altos e baixos, nas alegrias e desafios, vocês estiveram ao meu lado, fornecendo apoio incondicional, conforto e risadas. Obrigado, meus amigos do peito, por serem a rede de apoio que me impulsionou nesta jornada. Suas amizades são tesouros que valorizo profundamente.

Aos funcionários e ex funcionários da UEPE Equideocultura, em especial ao Fernando Freitas, que nunca me negaram ajuda quando precisei. Agradeço muito a vocês não só pela ajuda profissional, mas pela ajuda pessoal, pois foram meus amigos diários em meu ambiente de trabalho. Obrigado de verdade!

Aos estagiários e colaboradores pelo companheirismo, amizade, ajuda, afeto e carinho.

A todos os funcionários do DZO, UFV e ABCCMM por todo apoio e incentivo. Esta tese reflete não apenas meu próprio esforço, mas também a contribuição significativa de todos vocês.

Agradecimento especial aos Equídeos, fonte de inspiração e razão pelo qual me fez chegar até aqui. Uma paixão infinita. Eles proporcionam mais que a busca de conhecimento técnico e científico, uma lição de vida!

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Finalmente, gostaria de agradecer à Universidade Federal de Viçosa, por abrirem as portas para que eu pudesse realizar deste sonho.

Ninguém vence sozinho! A todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho, o meu muito obrigado!

“Não há conquistas fáceis,
São as estradas sinuosas que levam ao caminho certo”
(Afonso Opazo)

“Confia no Deus eterno de todo o seu coração
e não se apoie apenas na sua própria inteligência.
Lembre-se de Deus em tudo o que fizer,
e ele lhe mostrará o caminho certo”

Provérbio 3:5-6

BIOGRAFIA

Cristian Silva Teixeira, nascido em Viçosa, na Zona da Mata Mineira. Filho de Elza Helena da Silva e João Batista Teixeira. Iniciou o ensino primário na Escola Municipal José Lopes Valente Sobrinho, posteriormente ingressou o ensino fundamental e médio na Escola Estadual Alice Loureiro. Iniciou a graduação em Gestão Ambiental na Faculdade de Ciências Biológicas e da Saúde em 2010 concluindo em 2011/2. Iniciou graduação em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa em 2012 concluindo em julho de 2017. Em 2014 foi aprovado em concurso público na mesma instituição, sendo atualmente técnico chefe da Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa. Iniciou o Mestrado no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia em agosto de 2017, realizando pesquisa na área de Melhoramento Genético de Equinos da Raça Mangalarga Marchador (MM), submetendo-se a defesa em 26 de julho de 2019. Ingressou no Doutorado em agosto de 2019 e finalizando em 2024, seguindo a mesma linha de pesquisa trabalhando com melhoramento genético de equinos MM.

RESUMO

TEIXEIRA, Cristian Silva, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, junho de 2024. **Parâmetros genéticos para características morfológicas e de marcha, estrutura de população e depressão endogâmica em equinos Mangalarga Marchador.** Orientadora: Yamê Fabres Robaina Sancler da Silva. Coorientadora: Daniele Botelho Diniz Marques.

Este trabalho teve como objetivo identificar variáveis latentes com relevância biológica em cavalos Mangalarga Marchador (MM) por meio da análise fatorial de características morfológicas e de marcha, além de estimar parâmetros genéticos, coeficiente de endogamia e tamanho efetivo da população, bem como avaliar a depressão endogâmica sobre essas características. Foi realizada uma revisão de literatura sobre o assunto para fornecer contexto e suporte à análise. Foram coletadas informações morfológicas e de desempenho de uma vasta população de cavalos, utilizando dados fornecidos pela Associação Brasileira dos Criadores do Cavalo Mangalarga Marchador (ABCCMM). A análise envolveu a extração de fatores latentes de relevância biológica e a exploração desses fatores na análise genética. Além disso, foi avaliado o impacto da endogamia, que pode interferir no desenvolvimento da raça, afetando características morfológicas e o desempenho atlético dos animais. Os dados genealógicos foram analisados para estimar os coeficientes de endogamia, o intervalo de geração e a depressão endogâmica. Os resultados destacam a importância de orientar os acasalamentos para manter a endogamia em níveis reduzidos, evitando a depressão endogâmica e contribuindo para o aprimoramento genético da raça.

Palavras-chave: equinos; melhoramento genético; acasalamentos; depressão endogâmica; morfologia; marcha.

ABSTRACT

TEIXEIRA, Cristian Silva, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, June, 2024. **Genetic parameters for morphological and gait characteristics, population structure, and inbreeding depression in Mangalarga gait equines.** Advisor: Yamê Fabres Robaina Sancler da Silva. Co-advisor: Daniele Botelho Diniz Marques.

This study aimed to identify latent variables with biological relevance in Mangalarga Marchador (MM) horses through factor analysis of morphological and gait traits, as well as to estimate genetic parameters, inbreeding coefficients, and effective population size, and to evaluate inbreeding depression on these traits. A literature review on the subject was conducted to provide context and support for the analysis. Morphological and performance data were collected from a large population of horses using information provided by the Brazilian Association of Mangalarga Marchador Horse Breeders (ABCCMM). The analysis included the extraction of biologically relevant latent factors and their exploration in genetic analysis. Additionally, the impact of inbreeding, which can interfere with the breed's development by affecting morphological traits and athletic performance, was evaluated. Genealogical data were analyzed to estimate inbreeding coefficients, generation interval, and inbreeding depression. The results highlight the importance of guiding matings to keep inbreeding at low levels, thereby avoiding inbreeding depression and contributing to the breed's genetic improvement.

Keywords: equines; genetic improvement; matings; inbreeding depression; morphology; gait.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL.....	12
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	14
2.1. Melhoramento genético.....	14
2.2. Programas de melhoramento genético de equinos.....	16
2.3. Parâmetros genéticos.....	17
2.3.1. Herdabilidade e Correlação genética.....	18
2.4. Estrutura de população.....	22
2.4.1. Endogamia.....	23
2.4.2. Intervalo de gerações.....	26
2.4.3. Tamanho efetivo.....	27
2.5. Técnicas multivariadas.....	28
2.6. Referências bibliográficas.....	30
3. OBJETIVOS GERAIS E ESPECÍFICOS.....	37
4. ARTIGO 1.....	38
Genetic parameters for latent variables derived from factor analysis of morphological and gait traits in Mangalarga Marchador horses.....	38
5. ARTIGO 2.....	58
Estimação de parâmetros genéticos e avaliação da depressão endogâmica sobre características morfológicas e de desempenho em uma população de cavalos da raça Mangalarga Marchador.....	58
6. CONCLUSÃO GERAL	83

1. INTRODUÇÃO GERAL

A raça Mangalarga Marchador (MM) é a raça de equinos mais popular no Brasil e, apesar de ter origem no país, possui exemplares distribuídos em diversos países. Possui grande importância econômica na cadeia produtiva nacional do cavalo, gerando bilhões de reais por ano e milhares de empregos diretos e indiretos (MAPA, 2016).

Na raça MM, as características de relevância econômica são relacionadas à morfologia e ao desempenho. Dentre as características morfológicas, destacam-se: altura de cernelha, altura de garupa, comprimento da cabeça, comprimento do pescoço, comprimento dorso lombo, comprimento da garupa, comprimento da espádua, comprimento do corpo, largura da cabeça, largura das ancas, perímetro torácico e perímetro da canela (Petry et al., 2012). O desempenho do animal, por sua vez, está relacionado à qualidade e ao tipo de andamento, neste caso a marcha (Procópio, 2005).

Para maximizar as respostas econômicas desejadas e atender às demandas do mercado, várias ferramentas estão sendo utilizadas para obter melhorias na criação de equinos. Nesse contexto, enquadra-se o melhoramento genético, que combina ferramentas estatísticas com processos de seleção, para aumentar a frequência de alelos desejáveis nas populações, reduzindo, conseqüentemente, a frequência de genes indesejáveis para as características de importância econômica (Eler, 2015). Esse ajuste na frequência dos genes responsáveis por certas características é aplicado a um plantel, a fim de observar essas mudanças nas gerações subsequentes (Ferraz & Eler, 2010).

Na estruturação dos programas de melhoramento e avaliação da resposta à seleção, é fundamental a estimação dos parâmetros genéticos, como herdabilidades e correlações genéticas, para as características de interesse. Contudo, apesar da grande importância da estimação dos parâmetros genéticos para realizar uma seleção eficiente, estudos que reportem estimativas desses parâmetros e resultados de avaliação genética na espécie equina ainda são escassos quando comparados aos demais animais de produção.

Devido ao grande número de características morfológicas e de desempenho a serem selecionadas na raça MM, a avaliação genética com múltiplas características possui limitações relacionadas à maior complexidade do modelo estatístico e, conseqüentemente, ao maior custo computacional. Além disso, a seleção de múltiplas características, por meio de índices de seleção, é dificultada pois exige desenvolvimento de valores econômicos e promove redução do ganho genético para cada característica, à medida que o número de variáveis contempladas pelo índice aumenta (Macciotta et al., 2012). Assim, metodologias estatísticas multivariadas que permitam reduzir a dimensionalidade de um grande número de características, mediante

identificação de um pequeno grupo de variáveis latentes, podem ser alternativas adequadas para otimizar a avaliação genética. A utilização de um número reduzido de novas variáveis alternativas que apresentem relevância biológica possibilita menor custo computacional e maiores ganhos genéticos para todas as características.

Dentre as metodologias de análise multivariada, a análise de fatores possibilita identificar um número menor de novas variáveis latentes não correlacionadas (denominadas de “fatores”), que sumarizam as informações principais das variáveis originais. Os fatores, por sua vez, podem ser tratados como pseudo-fenótipos nas avaliações genéticas, permitindo a seleção conjunta de um grupo de características. Portanto, embora sejam escassos os estudos com técnicas de estatística multivariada na avaliação genética de equinos, diversos estudos em outras espécies, envolvendo análise de fatores de importância econômica, têm sido relatados na literatura (Conte et al., 2016; Teixeira et al., 2016).

O uso de técnicas estatísticas possibilita compreender e assegurar os atributos genéticos assegurando eficiência nos programas de melhoramento genético. Nesse contexto, avaliar os níveis de endogamia nas populações é de fundamental importância. A endogamia é causada pelo acasalamento entre animais mais aparentados do que a média da população (Falconer e Mackay, 1996) e um alto nível de endogamia pode causar a depressão endogâmica, caracterizada pela redução geral da fertilidade, da sobrevivência e do vigor dos animais (Lopes, 2000). A depressão endogâmica resulta em perdas significativas na adaptabilidade e eficiência dos animais (Cunha et al., 2004) e pode ser avaliada pela regressão dos fenótipos em relação aos níveis de endogamia. É importante considerar que a endogamia tende a fixar alguns alelos enquanto resulta na perda de outros. Assim, a manutenção das características benéficas para o futuro está relacionada à minimização do grau médio de endogamia (Bowling, 1995).

A avaliação da endogamia em populações de equinos é essencial para preservar a diversidade genética. A endogamia, que envolve o acasalamento entre parentes próximos, pode ter efeito positivo no aumento de características desejáveis, mas também risco de expressão de genes recessivos prejudiciais, sendo fundamental monitorar cuidadosamente os níveis de endogamia, evitando a consanguinidade excessiva por meio da introdução de novos reprodutores e da seleção dos animais dentro da raça.

Diante disso, o melhoramento genético de equinos pode ser considerado um processo complexo. Assim, um trabalho conjunto entre as instituições de pesquisa, as associações e criadores tem fundamental importância no alcance do progresso genético de uma determinada raça.

2: Revisão de literatura

2.1. Melhoramento genético

As demandas do mercado de equinos aumentaram significativamente, e agora, a nutrição, o manejo e a genética são fatores cruciais nas transações nesse mercado (Batiston, 2017). Nesse contexto, Balan et al. (2016) observaram que várias ferramentas tecnológicas foram desenvolvidas para atender às expectativas e requisitos do mercado, sendo o melhoramento genético uma delas. O melhoramento visa utilizar as ferramentas de seleção e acasalamento para promover o aumento na frequência dos alelos desejáveis em uma população, reduzindo, conseqüentemente, a frequência dos alelos indesejáveis para as características de relevância econômica.

Geralmente, essas características de importância econômica são influenciadas por vários genes com efeito individual pequeno, sendo afetadas pelo também, ambiente. Assim, os aspectos genéticos e ambientais devem ser abordados simultaneamente. O desempenho de um indivíduo (valor fenotípico "P") resulta da ação dos seus genes (valor genotípico "G") e dos efeitos do ambiente (E), além da interação entre esses fatores: $P = G + E + IGE$, em que G representa o efeito conjunto de todos os genes e combinações gênicas que afetam a característica de interesse, E reflete a influência de fatores externos no desempenho do animal para essa característica e IGE é a interação entre genes e fatores externos (Albuquerque et al., 2008).

Na estruturação dos programas de melhoramento, o ponto de partida é estabelecer objetivos claros de seleção, seguido do estabelecimento dos critérios de seleção e coleta dos fenótipos. Para obter informações precisas, é fundamental ter uma compreensão dos aspectos genéticos da população, garantir a coleta precisa de dados e identificação dos indivíduos, além de acasalar animais geneticamente superiores, com o objetivo de maximizar o progresso genético e fixar características importantes. Wood et al. (2003) ressaltaram que uma característica deve atender a critérios como mensurabilidade, variabilidade, herdabilidade e relevância econômica para ser incluída como critério de seleção em um programa de melhoramento genético. Além disso, o conhecimento dos parâmetros genéticos, como a herdabilidade e correlações genéticas, é indispensável para determinação do critério de seleção (Falconer, 1996).

Uma vez que os objetivos e critérios de seleção estão definidos e o banco de dados está estabelecido, é crucial avaliar a consistência das informações e, em seguida, avançar para a etapa de avaliação genética. Essa etapa envolve o uso de métodos genético-estatísticos e computacionais para explorar a estrutura dos dados de maneira mais eficiente, levando ao ranqueamento de cada indivíduo candidato à seleção com base em seu mérito genético. O

objetivo é agrupar todas as informações de cada indivíduo para obter um único valor genético como reprodutor, sendo esse um dos propósitos principais dos programas de avaliação genética. Esse valor genético é uma medida do valor total dos genes do animal, considerando que o animal transmite apenas metade de seus genes. A chamada "Diferença Esperada na Progênie" (DEP) foi criada para resumir essa informação, permitindo a comparação entre animais. A DEP reflete a diferença no desempenho esperado entre a prole de um animal e a prole de outros animais avaliados na análise, quando esses animais são acasalados com outros indivíduos do mesmo rebanho (Brinks, 2010).

Todos os programas de seleção seguem etapas comuns, incluindo a escolha de indivíduos superiores, introdução de novo material genético, realização de avaliação genética, análise do pedigree, entre outras (Madureira et al., 2009). Essas informações também são essenciais para entender o histórico genético dos plantéis. Avaliar o progresso genético alcançado pelo plantel ao longo do tempo é possível ao considerar o ganho anual dos animais (Balbé et al., 2007), medindo a variação da característica ao longo de um período determinado. Isso é conhecido como tendência fenotípica, cujos resultados obtidos podem orientar futuras ações no melhoramento dos animais (Santos et al., 2012). A tendência é, portanto, um indicador que possibilita avaliar a mudança ocasionada pelo processo de seleção ao longo dos anos (Holanda et al., 2004), fornecendo ideia sobre a eficácia do programa de melhoramento e identificando o aumento ou a redução dos méritos genéticos dos indivíduos nas gerações subsequentes. Além disso, é importante acompanhar os resultados da avaliação genética para monitorar o progresso genético ao longo do tempo e fazer os ajustes de forma eficiente, a fim de otimizar o ganho genético futuro. Uma das formas de fazer esse monitoramento é pela avaliação da tendência genética, a qual avalia a mudança causada pelo processo de seleção ao longo do tempo (Silva et al., 2001).

No entanto, a resposta à seleção depende da herdabilidade da característica em questão, que pode ser baixa. Isso se deve ao fato de que fatores como nutrição e treinamento dos animais terem uma influência maior sobre algumas características do que a informação genética propriamente dita. Além disso, o ganho genético pode ser baixo também devido a fatores como o longo intervalo de gerações em cavalos, o que resulta em um processo de melhoramento demorado e oneroso ao longo das gerações.

O melhoramento genético é amplamente investigado em cavalos da raça quarto de milha para aproveitar os benefícios da heterose e complementariedade entre os animais selecionados. A heterose é o vigor híbrido resultante de cruzamentos entre linhagens distintas e permite que a descendência herde características superiores dos genitores, como resistência e velocidade. Ao explorar a complementariedade entre as características dos reprodutores selecionados, os

criadores podem produzir uma progênie adaptada às demandas específicas do esporte e das atividades para as quais os cavalos quarto de milha são destinados.

Nesse sentido, é de suma importância que pesquisadores e criadores colaborem de forma conjunta, utilizando tecnologias que auxiliem no estudo do genoma dos animais. Essa abordagem visa desenvolver programas de melhoramento que alcancem o melhor desempenho possível dos animais, alinhando-se com os objetivos específicos de criação (Baltazar, 2016; Cescag Genética, 2019).

2.2 Programas de melhoramento genético de equinos

Apesar da abundância de pesquisas sobre melhoramento genético de equinos em diversos países, poucos deles têm programas de seleção robustos que se baseiam em análises populacionais cientificamente fundamentadas. Isso reflete, em grande parte, um desinteresse por parte dos criadores em utilizar os resultados dessas pesquisas, o que acaba por não contribuir para o desenvolvimento das raças (Da Mota e Regatieri, 2012). No Brasil, essa situação não é diferente, já que há um notável distanciamento entre os centros de pesquisa e as associações de criadores. Apesar das pesquisas em andamento, nenhuma raça possui um programa consistente e contínuo de seleção (Curi et al., 2013).

Na criação de cavalos, Batista et al. (2017) descrevem que o melhoramento genético se concentra em características que são mensuráveis, hereditárias e economicamente relevantes. Dentre essas, estão aspectos de conformação (como alturas, perímetros e larguras) e de desempenho (notas de marcha e notas de morfologia). No entanto, Dias (2010) relata uma divergência significativa entre critérios de seleção em diferentes raças e países, devido à complexidade das habilidades (capacidade de marcha, adestramento, entre outras) e dos objetivos (incluindo morfologia, temperamento e desempenho), o que dificulta a criação de programas de melhoramento genético específicos para os equinos. Além dos entraves já citados, desafios adicionais incluem um intervalo considerável de gerações, registros individuais frequentemente incompletos e inconsistências nos registros de ascendência.

Os princípios dos programas de melhoramento genético se fundamentam na seleção criteriosa dos melhores indivíduos, garantindo a transmissão de genes favoráveis para as gerações futuras. Isso envolve aumentar a intensidade da seleção dos pais, garantir a acurácia na seleção e acelerar o processo de seleção por unidade de tempo. A combinação desses princípios resulta em uma expansão mais eficaz do programa de melhoramento genético, uma vez que na espécie equina as técnicas de transferência de embrião (TE) e a injeção intracitoplasmática de espermatozóide (ICSI) são utilizadas amplamente e, portanto, aceleram o ganho genético por meio da redução do intervalo de gerações e pelo aumento no número de

descendentes. Com isso, no planejamento adequado de um programa de melhoramento genético, é fundamental abordar de forma sistemática todas as etapas do processo, começando pelo estabelecimento de objetivos e critérios de seleção da raça.

Segundo a Associação Brasileira dos Criadores do Cavallo Mangalarga Marchador (ABCCMM, 2020), a seleção dos animais na raça MM é muitas vezes baseada no empirismo, no gosto pessoal dos criadores e até mesmo no modismo da raça. O foco principal costuma ser a melhoria da qualidade dos animais ao longo do tempo, com ênfase nas características de marcha. Nesse sentido, os critérios de seleção na raça MM incluem avaliação da marcha, adestramento, temperamento e parâmetros morfométricos, como altura e proporções corporais. (ABCCMM, 2020).

Além disso, é de suma importância, em um programa de melhoramento genético, avaliar o pedigree para identificar a descendência de ancestrais com histórico de sucesso em características desejadas, além de realizar testes genéticos para identificar a presença de genes associados a características específicas ou indesejadas (Lira et al., 2013). Segundo Santos et al. (2012), a formação das diretrizes que orientam um programa de melhoramento genético inicia-se com o conhecimento dos parâmetros genéticos e as mudanças nas estimativas genéticas.

Os programas de melhoramento genético demandam atenção cuidadosa no planejamento metodológico. A implementação bem-sucedida desses programas depende do comprometimento, responsabilidade e profissionalismo das pessoas envolvidas na área.

2.3 Parâmetros genéticos

O conhecimento das estimativas dos parâmetros genéticos relacionados a características de relevância econômica é fundamental para o desenvolvimento e o sucesso dos programas de melhoramento genético de equinos. Esses parâmetros fornecem informações importantes sobre a natureza das características avaliadas e a relação entre elas e proporcionam orientações precisas para a seleção apropriada, viabilizando, assim, uma abordagem de seleção mais eficaz. Conseqüentemente, esse processo contribui significativamente para alcançar avanços genéticos mais substanciais na população em questão (Oliveira, 2015).

Os parâmetros genéticos mais importantes nos programas de melhoramento genético incluem as herdabilidades e as correlações genéticas entre as características que constituem os alvos de seleção ou são empregadas como critérios de escolha.

A análise das variâncias permite quantificar a proporção da variação observada, conhecida como variância fenotípica (σ_p^2), que é atribuível a fatores genéticos aditivos, chamada de variância genética aditiva (σ_a^2), bem como a porção proveniente de outros efeitos não genéticos e ambientais temporários, denominada variância residual (σ_e^2), e componentes como

a influência do ambiente permanente. Segundo Falconer e Mackay (1996), essa análise serve a dois propósitos distintos. Primeiramente, permite comparar a capacidade de evolução ou resposta à seleção entre características. Isso se dá porque a variância genética aditiva é a parte da variação que pode ser transmitida às próximas gerações, indicando o potencial de evolução de uma característica sob seleção natural ou artificial. Características com maior σ_a^2 têm maior capacidade de evoluir ao longo do tempo, pois a seleção pode atuar de maneira mais eficaz sobre elas. Em segundo lugar, a análise auxilia na inferência das forças que mantêm a diversidade genética, conforme discutido por Houle (1992). Se a maior parte da variância fenotípica for devida a fatores ambientais ou não genéticos (σ_e^2), pode-se inferir que a diversidade genética é menos importante para essa característica específica. Por outro lado, uma alta σ_a^2 sugere que a seleção natural ou outros processos evolutivos podem estar ativamente mantendo a diversidade genética.

Em estudos genéticos, é crucial distinguir entre duas causas de correlação entre características: genética e ambiente. A correlação genética é principalmente resultado do pleiotropismo, onde um gene afeta múltiplas características, resultando em variação simultânea nas características afetadas pelo gene. Essa correlação pode ser positiva, quando um gene aumenta ambas as características, ou negativa, quando aumenta uma e reduz a outra (Falconer, 1987).

2.3.1 Herdabilidade e Correlação genética

A melhoria genética é alcançada por meio da seleção de animais superiores à média do rebanho para serem pais da próxima geração. Essa seleção pode ser feita de várias maneiras, com base em informações fenotípicas obtidas de indivíduos ou de seus parentes. Essas informações podem ser derivadas de características morfológicas (externas), produtivas ou funcionais dos animais sob seleção. Em todos esses casos, há a dependência de informações fenotípicas de características que podem ser avaliadas subjetivamente, medidas ou quantificadas (Gianonni, 1988).

Na prática do melhoramento animal, os componentes de variância são amplamente usados para estimar herdabilidade e correlações genéticas, ambientais e fenotípicas. Eles são usados na criação de índices de seleção, predição do valor genético, planejamento de programas de melhoramento genético, entre outros (Henderson, 1986). Várias metodologias podem ser empregadas para estimar esses componentes, como os Métodos I, II e III de Henderson, Mínima Norma Quadrática Não-Viesada - MIINQUE, Variância Mínima Quadrática Não-Viesada - MIVQUE, Máxima Verossimilhança - ML, Máxima Verossimilhança Restrita - REML e Inferência Bayesiana, sendo o REML e Inferência Bayesiana os mais utilizados atualmente.

A partir das estimativas de variâncias é possível estimar a herdabilidade direta (h_d^2), que é determinada pela fórmula:

$$h_d^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}, \text{ em que } \sigma_a^2 \text{ é a variância genética aditiva e } \sigma_e^2 \text{ é a variância residual.}$$

A herdabilidade é um indicador de precisão que relaciona o valor fenotípico ao valor genético de um indivíduo (Lopes et al., 2000). Em outras palavras, a herdabilidade quantifica a proporção da variação observada no fenótipo que é devida à variação nos valores genéticos aditivos. Ela também pode ser descrita como a relação entre os valores genéticos e os valores fenotípicos, como discutido por Falconer e Mackay (1996) e Lopes et al. (2000). No contexto do estudo das características métricas, a herdabilidade desempenha um papel crucial como ferramenta preditiva, indicando a confiabilidade com que o valor fenotípico pode ser usado para inferir o valor genético subjacente (Falconer e Mackay, 1996).

Segundo Mota & Giannoni (1994), uma maneira de estudar a variabilidade genética de uma característica em uma população é estimar sua herdabilidade. Em um estudo com equinos da raça Mangalarga, Mota & Giannoni (1994) estimaram a variabilidade genética de características de conformação (cabeça, pescoço, tronco, garupa, membros e aprumos) e de locomoção. As estimativas de herdabilidade variaram de média (0,44 para garupa) a altas (0,75 para pescoço), exceto aprumos (0,22).

Meyer (2012) explorou a importância da herdabilidade no melhoramento genético animal. A autora enfatizou que a estimativa precisa da herdabilidade é essencial para identificar quais características têm maior potencial de resposta à seleção e para direcionar os esforços de melhoramento para características economicamente importantes.

Além disso, por meio das estimativas de variância, é possível calcular a correlação genética (r_{gij}) entre diferentes características de interesse, indicando a relação entre seus componentes genéticos:

$$r_{gij} = \frac{\sigma_{aij}}{\sqrt{\sigma_{ai}^2 \times \sigma_{aj}^2}}, \text{ em que } \sigma_{aij} \text{ é a covariância genética entre as características } i \text{ e } j; \text{ e } \sigma_{ai}^2 \text{ e } \sigma_{aj}^2 \text{ são}$$

as variâncias genéticas das características i e j , respectivamente.

Existem vários estudos que investigaram os parâmetros genéticos em cavalos, incluindo a herdabilidade e a correlação genética de várias características, como desempenho esportivo e morfologia (Álvarez et al., 2014; González-Recio et al., 2019; Gutiérrez et al., 2016; Molina et al., 1999; Mota e Prado 2005; Olsson et al., 2000; Sánchez et al., 2019; Sánchez et al., 2020; Silva et al., 2017; Silva et al., 2018; Zamborlini et al., 1996).

O estudo de Álvarez et al (2014) investigou a herdabilidade de características de desempenho em cavalos de corrida da raça Puro Sangue Inglês (PSI). Os resultados mostraram

que as herdabilidades variaram de moderada a alta (0,30 a 0,65) para as características de desempenho avaliadas, incluindo velocidade, resistência e capacidade de recuperação após o exercício.

O estudo de Sánchez et al. (2019) analisou a herdabilidade e a correlação genética de várias características de desempenho em cavalos de corrida da raça Quarto de Milha, incluindo tempo de corrida, distância percorrida e velocidade média. Os resultados mostraram que a herdabilidade variou de 0,35 a 0,70 para todas as características de desempenho avaliadas, indicando uma variação de moderada a alta. Além disso, a análise de correlação genética indicou que o tempo de corrida, a distância percorrida e a velocidade média foram altamente correlacionadas (0,80 a 0,95) entre si.

Outro estudo interessante sobre parâmetros genéticos em cavalos foi conduzido por Gutiérrez et al. (2016), que investigaram a herdabilidade e a correlação genética de características morfológicas em cavalos de raças espanholas. O estudo reportou que a herdabilidade variou de baixa a alta (0,15 a 0,80) para diferentes características morfológicas, como altura de cernelha, comprimento corporal e perímetro torácico. Além disso, a análise de correlação genética revelou uma correlação positiva entre várias características morfológicas, tais como altura de garupa, altura de cernelha, comprimento da espádua, comprimento cabeça e comprimento do pescoço.

O estudo de Silva et al. (2017) investigou a correlação genética entre várias características de desempenho em cavalos da raça PSI. Os resultados mostraram que as características de desempenho foram altamente correlacionadas (0,80 a 0,97), entre si, indicando que a seleção para uma característica de desempenho pode resultar em melhorias em outras características relacionadas.

Zamborlini et al. (1996) estimaram simultaneamente os efeitos do ambiente e os parâmetros genéticos de doze medidas corporais mensuráveis, bem como a pontuação visual dos componentes corporais e suas proporções em cavalos da raça MM, durante o registro genealógico. Eles encontraram estimativas médias de herdabilidade de $0,56 \pm 0,02$ para as doze medidas e $0,62 \pm 0,02$ para a pontuação morfológica. Isso destaca a importância do componente genético aditivo nas características morfológicas dos animais. As estimativas médias da pontuação foram maiores do que as relatadas por Molina et al. (1999) e Mota e Prado (2005), que encontraram herdabilidades médias de $0,25 \pm 0,04$ e $0,42 \pm 0,02$ para cavalos Mangalarga e Andaluz, respectivamente.

Um estudo realizado por Silva et al. (2018) investigou os parâmetros genéticos de características morfológicas e de desempenho em cavalos da raça Puro Sangue Lusitano. Os resultados revelaram uma herdabilidade de moderada a alta para características como altura de

cernelha (0,90), comprimento de garupa (0,65) e perímetro torácico (0,80), indicando uma influência significativa dos genes na expressão dessas características.

Outro estudo realizado por González-Recio et al. (2019) analisou os parâmetros genéticos de características de desempenho em cavalos de salto da raça Puro Sangue Inglês. Os resultados mostraram herdabilidades variáveis (0,28 a 0,85) para diferentes características, como altura de salto, tempo de prova e pontuação em competições. Essas informações foram úteis para identificar as características com maior herdabilidade e direcionar a seleção de animais para o melhoramento genético nessa população.

No que diz respeito ao andamento, as citações relacionadas às raças nacionais são escassas. Um estudo de Mota e Giannoni (1994) encontrou uma estimativa de herdabilidade de 0,50 para o andamento de cavalos da raça MM. Mota et al. (2006), que estudaram a pontuação total de deslocamento para a mesma raça, encontraram uma estimativa de herdabilidade de 0,27.

Olsson et al. (2000) estimaram parâmetros genéticos para características de performance e desempenho de garanhões da raça Swedish Warmblood e encontraram estimativas de herdabilidade de 0,46, 0,37 e 0,39 para passo, trote e galope, respectivamente.

A correlação genética entre características pode ser útil ao permitir uma avaliação indireta de uma característica específica e revelar a dependência entre elas. Isso pode melhorar a acurácia das predições de valores genéticos em algumas situações (Pereira, 2004). Por exemplo, Zamborlini et al. (1996) estimaram uma correlação genética de $0,96 \pm 0,03$ entre a altura na cernelha e na garupa em cavalos MM. Outros autores, como Costa et al. (1998), relataram um valor de $0,99 \pm 0,01$ também entre a altura de cernelha e garupa para pôneis da raça Brasileira. Olsson et al. (2000) encontraram correlações genéticas positivas entre todos os movimentos (passo, trote e galope) de garanhões da raça Swedish Warmblood, com o valor mais alto de 0,71 entre trote e galope.

Mota et al. (2006) estimaram uma correlação genética de 0,47 entre altura na cernelha e deslocamento de cavalos da raça MM, indicando que há uma tendência moderada de animais geneticamente superiores em altura também apresentarem valores superiores geneticamente para o deslocamento.

É importante ressaltar que a precisão das estimativas de parâmetros genéticos pode variar dependendo do tamanho da população, do número de registros fenotípicos disponíveis e da acurácia das informações genealógicas ou genômicas. Variações na precisão pode ter implicações significativas em programas de seleção genética e melhoramento. Por exemplo, estimativas imprecisas podem resultar na seleção inadequada de animais para reprodução, levando a um progresso genético mais lento ou a uma direção indesejada da seleção. Isso ocorre porque a seleção de animais com valores genéticos inferiores retarda o progresso e pode

promover características indesejadas na população. Portanto, é essencial considerar cuidadosamente esses fatores e trabalhar para melhorar a precisão das estimativas genéticas por meio de métodos apropriados de coleta de dados e análise estatística.

2.4 Estrutura de população

Compreender a estrutura populacional é o ponto de partida fundamental para o desenvolvimento de estratégias de seleção. No entanto, é crucial uma monitorização mais precisa para aumentar o tamanho efetivo da população, mantendo ao mesmo tempo o progresso genético, enquanto se trabalha em direção a um melhoramento sustentável (Teegen et al., 2009).

Quando os animais são selecionados para diferentes objetivos dentro da mesma população, isso pode levar a uma subdivisão e, conseqüentemente, à perda de diversidade genética dentro das subpopulações (Delgado et al., 2014).

Em um estudo que investigou a diversidade genética da raça Holsteiner, utilizando dados de pedigree, os resultados indicaram uma baixa diversidade na população, em parte devido ao uso intensivo de algumas linhagens de padreadores. Ainda assim, foi notado um ligeiro aumento no tamanho efetivo da população e uma estagnação na endogamia na última geração, possivelmente devido à influência do uso de garanhões estrangeiros em um passado recente. A média de endogamia na população foi de 2,27% (Roos et al. 2015).

No caso da raça MM no Brasil, a diversidade genética foi considerada baixa, sugerindo a implementação de um monitoramento da diversidade nos programas de criação (Da Mota et al., 2006). A recomendação deste instrumento também visa otimizar os acasalamentos para manter a variação e alcançar progresso genético. Uma discrepância significativa entre o número total de fundadores da raça (438) e o número efetivo de fundadores (16,1) foi observada, indicando uma contribuição genética desigual, o que contribui para a diminuição da diversidade (Da Mota et al., 2006).

Segundo Petersen et al., (2014), a diversidade genética da raça Quarto de Milha, desenvolvida nos EUA, está profundamente ligada a diferentes subpopulações, cada uma selecionada para desempenhos específicos e especializados. No entanto, há indícios de que as taxas de endogamia estão aumentando nessas subpopulações, o que pode resultar em divergências genéticas mais acentuadas no futuro. Relata-se, ainda, que a influência da seleção por melhores desempenhos poderá afetar a estrutura da raça.

Uma estratégia eficiente para conservar a diversidade genética envolve a utilização de vários reprodutores distribuídos em pequenos grupos distintos de éguas, por meio de um sistema de rotação (Bowling, 1995). Mesmo ao manter subgrupos nos quais a endogamia possa ocasionalmente aumentar, o acasalamento entre animais desses subgrupos tende a promover

uma maior mistura de genes, resultando em maior variabilidade genética, vitalidade e capacidade reprodutiva, como observado por Bowling em 1995.

Os parâmetros populacionais podem ser obtidos por meio da análise com o programa PopReport (Groeneveld e Westhuizen et al., 2009). A estrutura populacional abrange o número de reprodutores machos e fêmeas, classes de idade dos pais, distribuição da paridade, intervalo de gerações e variância dos tamanhos das famílias (Falconer, D.S. e Mackay, T.F.C., 1996). Além disso, a integridade do pedigree pode ser avaliada com base no número de ancestrais conhecidos e no índice de conteúdo de informação do pedigree, conforme fórmula de MacCluer et al. (1983):

$$Id = \frac{4I_{d_{pat}}I_{d_{mat}}}{I_{d_{pat}} + I_{d_{mat}}} \text{ e } Id_{k=\frac{1}{d}} \sum_i^d = 1^a_i$$

onde k representa a linha materna (*mat*) ou paterna (*pat*) de um indivíduo, a_i é a proporção de ancestrais conhecidos na geração i e d é o número de gerações consideradas no cálculo e o Id é o índice de endogamia do indivíduo.

2.4.1 Endogamia

A endogamia, ou consanguinidade, surge do acasalamento entre indivíduos com parentesco, podendo alterar a composição genética da população (Falconer e Mackay, 1996). Uma população é considerada endogâmica quando descende de um grupo limitado de ancestrais comuns, especialmente em casos de populações pequenas e finitas. Embora a seleção artificial para características desejadas traga progresso genético, também pode aumentar a consanguinidade na população. Em níveis elevados, a endogamia pode levar a um fenômeno conhecido como depressão endogâmica, que resulta em perdas significativas na adaptabilidade e eficiência reprodutiva, além de limitar a capacidade de resposta à seleção a médio e longo prazo (Cunha et al., 2004). É importante considerar que a endogamia tende a fixar alguns genes enquanto resulta na perda de outros. A manutenção das características benéficas para o futuro está relacionada à minimização do grau médio de endogamia (Bowling, 1995).

O efeito da endogamia pode ser quantificado para qualquer população diploide calculando o coeficiente de endogamia (F), que é a probabilidade de um indivíduo herdar dois alelos que sejam idênticos ao mesmo alelo ancestral, ou seja, a probabilidade de que esses alelos sejam idênticos por descendência (Snustad e Simmons, 2008). A homozigose resultante nos loci leva ao aumento do F e dos efeitos de alelos desfavoráveis, consequência do uso repetitivo de garanhões (Gharahveysi e Irani, 2011).

O coeficiente de endogamia quantifica a redução prevista na diversidade genética, com base na ancestralidade comum dos pais, e representa a probabilidade de que dois alelos em

qualquer localização genética de um indivíduo sejam idênticos por terem a mesma origem (Lopes, 2000). Esse coeficiente pode ser obtido pela fórmula proposta por Wright, sendo:

$$F_x = \Sigma$$

em que

F_x = coeficiente de endogamia do indivíduo X;

n_1 = número de gerações, partindo-se de um dos pais, até o ancestral comum;

n_2 = número de gerações, partindo-se do outro pai, até o ancestral comum;

F_{AC} = coeficiente de endogamia do ancestral comum;

Σ = soma de todos os ancestrais comuns.

Os coeficientes de endogamia para a genealogia completa também podem ser obtidos por meio do programa RENUMF90 (Misztal et al., 2014), utilizando o método descrito por Meuwissen e Luo (Meuwissen e Luo, 1992), baseado na decomposição da matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco (A), proposta por Henderson (1976).

Considerando duas gerações sucessivas t e $t + 1$, a taxa de endogamia (ΔF_t) é obtida de acordo com a equação: $\Delta F_t = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$, em que F_{t-1} é a média dos coeficientes de endogamia da população atual e F_t é a média dos coeficientes de endogamia de seus pais (Henderson, 1976).

Na população do cavalo Árabe na Espanha, indivíduos com alto grau de endogamia ($F \geq 12,5\%$) representavam 17,7% da população total e um quarto dos indivíduos registrados nascidos na última década. Apesar do grande número de fundadores registrados no Stud Book, houve um uso desequilibrado de alguns indivíduos na reprodução, provavelmente devido ao gargalo genético causado pela Guerra Civil Espanhola. Para o período mais recente, a média de F calculada para o cavalo Árabe na Espanha foi de 9,8%, superior às relatadas para cavalos Árabes na França (3,1%) e na Polônia (5,3%) (Cervantes et al., 2008).

Diferenças notáveis nas taxas de endogamia foram observadas em diferentes características em cavalos Árabes, variando conforme pelagens, estirpes, sexo, região de criação e linhagens no Irã. As taxas mais elevadas foram encontradas na estirpe Djelfan (5,1%), nas fêmeas (38,3%), em animais de pelagem negra (5,1%), em animais criados na Província Khuzestan (38,3%) e em animais de corrida (38,3%). Por outro lado, as taxas mínimas foram observadas na estirpe Hadban (0%), em animais de pelagem branca (0,4%) e em animais criados na Província de Tehran (0,1%) (Gharahveysi e Irani, 2011).

Ao analisar o registro genealógico da raça Campolina e considerar sua estrutura populacional, foi observada uma redução na porcentagem de animais não endogâmicos à medida que as gerações avançavam, acompanhada de um aumento significativo no coeficiente médio de endogamia da raça. Uma minoria de animais contribuiu substancialmente para a variação genética da raça (De Laat, 2001).

Em outro estudo envolvendo um plantel de 95 cavalos da raça Campolina em idade reprodutiva, foi observado que a média da endogamia para o período de 1952 a 1970 variou de 0,021 a 0,064, indicando que não havia uma tendência para a prática de endogamia ou a divisão em diferentes famílias nesse plantel (Fonseca, 1973). Já Laat (2001), ao observar equinos Campolina nascidos entre 1997 e 2000, identificou um coeficiente médio de endogamia de 3,7% para a população.

Quando se trata da raça Trakehner, um aumento considerável nas taxas de endogamia foi atribuído à introdução de mais linhagens de padreadores por meio de inseminação artificial a partir de 1990, impactando a estrutura populacional (Teegen et al., 2009).

Ao estudar os efeitos da endogamia sobre características morfométricas em Mangalarga Marchador, foram observados poucos efeitos negativos, exceto para a largura da garupa. No entanto, para animais com endogamia acima de 5,3%, esse efeito se tornou significativo. A cada aumento de 1% no F, houve acréscimos nas medidas de comprimento de cabeça (0,0927), comprimento da espádua (0,0731), comprimento da garupa (0,0894) e significativo para largura de garupa (0,0041) (Gonçalves et al., 2012).

Ao avaliar cavalos Andaluz registrados até 1998, Valera et al. (2005) observaram uma média de endogamia de 8,48% para essa população, com um coeficiente de parentesco de 12,25%. Esses valores foram justificados pelo uso deliberado de garanhões Carthusian no final do século XX. Isso foi feito para preservar a variabilidade genética da raça, embora os autores tenham mencionado um uso desigual dos cavalos Carthusian para reprodução.

Quanto à raça Hispano-Árabe, a análise do coeficiente de endogamia ao longo dos anos revelou uma variação constante da consanguinidade. Na década de 1990, foram registrados valores máximos de endogamia, chegando a 17%. Esse aumento foi atribuído à introdução de animais resultantes de cruzamentos entre as raças originais e a Hispano-Árabe (Gómez, Ronquillo e Delgado, 2011).

Pinheiro et al. (2013), ao caracterizarem cavalos da raça Sorraia por meio do pedigree, relataram um coeficiente de endogamia de 26,99% para toda a população e 27,54% excluindo os fundadores. Nos primeiros cinco anos após a fundação da associação, não houve registros de nascimentos, resultando em parte dos produtos sendo originados de acasalamentos entre fundadores. Esse fato contribuiu para que o coeficiente de endogamia permanecesse nulo. O valor elevado de F foi atribuído ao número limitado de fundadores, baixo tamanho efetivo populacional, isolamento genético e uso excessivo de certos cavalos para reprodução. Portanto, Kjöllström, Gama e Oom (2015) destacaram a importância de controlar o alto nível de endogamia na raça Sorraia.

Ao avaliar a população de cavalos Holsteiner até 2010, Roos et al. (2015) observaram um coeficiente médio de endogamia de 2,27% para a população total e 2,47% para os indivíduos endogâmicos. O valor de F calculado para toda a população foi de 1,57%. Os autores notaram um aumento gradual da endogamia ao longo do tempo, aumentando em 1% na primeira geração da população de referência. No entanto, a última geração avaliada, correspondendo aos anos de 2000 a 2010, apresentou uma redução no coeficiente de endogamia, chegando a 0,8%. Não houve aumento nos níveis de endogamia em 2008 e anos subsequentes, com uma média estagnada de 2,9%.

Na avaliação do coeficiente de endogamia, é necessário levar em conta a inseminação artificial, que pode resultar no aumento do número de descendentes de pais campeões, diminuindo, por sua vez, a variabilidade genética da população em análise (Assis et al., 2009). Os efeitos da endogamia sobre características reprodutivas podem ser negativos, mas evitando cruzamentos com coeficientes de endogamia excessivamente altos, as taxas de parto, por exemplo, podem ser melhoradas. Isso foi evidenciado em estudos com cavalos das raças Standartbred trotters e Finnhorses (Sairanen et al., 2009).

2.4.2. Intervalo de gerações

O conceito de Intervalo de Gerações (L) diz respeito à média de idade dos progenitores no momento do nascimento dos seus descendentes que serão utilizados para reprodução na geração seguinte. Segundo Falconer e Mackay (1996) e James (1977), esse parâmetro pode ser avaliado separadamente para machos e fêmeas, o que proporciona uma compreensão mais precisa da dinâmica de acasalamento dos animais. Essa análise permite entender o tempo necessário para a transferência de genes entre pais e filhos, o que é fundamental para estimar o progresso genético em características produtivas, como relatado por Falconer e Mackay (1996) e Pereira (2012).

A redução do intervalo tem intuito de promover avanço genético anual na população, visando à rápida introdução de características econômicas favoráveis nos rebanhos e nos programas de seleção, conforme apontado por Faria (2016). Nos equinos, ao contrário de outras espécies de finalidades produtivas, o L tende a ser mais extenso devido a particularidades reprodutivas, como a gestação prolongada, a postergação da idade para o primeiro parto das éguas e o tempo necessário para avaliar e confirmar o desempenho dos machos e de suas proles em competições, como destacado por Pereira (2012) e Faria (2016).

O intervalo de gerações (L) pode ser obtido pela equação: $L = \frac{1}{S}$, em que S é a soma das idades dos pais ao nascimento da progênie, ponderada pela contribuição de cada classe de idade

para a descendência recém nascida (Bijma e Woolliams, 1999). O valor de S pode ser obtido por meio da função `agecont()` do pacote `optiSel` (Wellmann, 2019) do programa R.

2.4.3 Tamanho efetivo

O tamanho efetivo (N_e) de uma população representa o número hipotético de indivíduos que gerariam a mesma taxa de endogamia observada na população real, caso ocorresse acasalamento aleatório (Falconer e Mackay, 1996).

O N_e está ligado à prevalência de acasalamentos endogâmicos dentro de uma população. Mantendo-se constante o número total de animais, o tamanho efetivo tende a diminuir à medida que a frequência de acasalamentos entre parentes aumenta. Calcular o N_e é de grande importância para controlar a variabilidade genética da população, planejar a inclusão de novos materiais genéticos e estruturar acasalamentos adequados. Esse cálculo também ajuda a compreender como a variação no número de machos e fêmeas usados para reprodução, bem como o tamanho das famílias, afeta as mudanças na endogamia média da população e suas consequências (Falconer e Mackay, 1996).

Nesse sentido, a descrição da constituição genética da população pode ser feita com base na proporção ou porcentagem de genótipos ou alelos. A composição genética do grupo está intimamente ligada à transmissão dos genes de uma geração para a próxima (Falconer e Mackay, 1996; Procópio, Bergmann e Costa, 2003).

Um estudo avaliando a estrutura populacional de um plantel da raça Campolina no período de 1952 a 1970, observou um N_e menor do que o número real em todos os quatro períodos avaliados. Os valores de N_e para os períodos 1952-1956, 1957-1961, 1962-1966 e 1967-1970 foram, respectivamente, 27,47; 32,20; 27,75 e 19,76 (Fonseca, 1973). Essa variação pode ser explicada pelo fato de que o tamanho efetivo populacional também é uma estimativa da quantidade de indivíduos em uma área geográfica que são capazes de se reproduzir (LAAT, 2001; PROCÓPIO, 2007). No caso específico do estudo de Fonseca (1973), foi observado que o período com um maior N_e coincidiu com uma maior proporção de machos e fêmeas em idade reprodutiva.

Os números efetivos de fundadores (f_e) e de ancestrais (f_a) são indicadores relevantes para avaliar a variabilidade genética de uma população. O f_e permite calcular a contribuição dos fundadores para a diversidade genética da população atual, enquanto o f_a se refere ao número de ancestrais (sejam fundadores ou não) necessários para explicar essa diversidade. O f_a complementa o f_e , pois leva em consideração perdas na variabilidade genética devido a estrangulamentos genéticos resultantes do uso intensivo de determinados animais para reprodução (Boichard et al., 1997, Gutiérrez e Goyache, 2005, Lacy, 1989, Roos et al., 2015).

Em um estudo com cavalos Sorraia, Pinheiro et al. (2013) encontraram um valor de f_e igual a 13 para toda a população, aproximadamente dobro do número de fundadores, que foi de 7,46 animais. Isso pode ser explicado pela possível perda de variabilidade genética devido ao uso desigual de certos indivíduos. Quanto ao f_a , quatro animais foram identificados como ancestrais. De acordo com Boichard et al. (1997), essa discrepância é resultado da superestimação no cálculo do f_e , que não considera possíveis gargalos que podem ocorrer durante o processo de seleção, enquanto o f_a leva em conta a contribuição de antepassados que ainda não foram avaliados.

O tamanho efetivo da população pode ser calculado de utilizando-se a taxa de endogamia por geração em que:

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F} e^{\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}}$$

onde F_t e F_{t-1} representam a endogamia média da progênie e de seus pais, respectivamente. Adicionalmente, calcula-se o N_e baseado no número de pais por geração em que:

$$N_e = \frac{4N_m N_f}{N_m + N_f}$$

onde N_m e N_f representam o número de garanhões e éguas, respectivamente.

2.5 Técnicas Multivariadas

A análise multivariada abrange uma diversidade de técnicas estatísticas que avaliam simultaneamente múltiplas variáveis relacionadas a um objeto de estudo. O conceito de análise multivariada está na interrelação entre essas variáveis, indo além de uma simples avaliação de múltiplas variáveis ou observações (Hair Jr. et al., 2009).

Hair Jr et al (2006) classificam as técnicas multivariadas em duas categorias principais: as Técnicas de Dependência, onde uma variável ou conjunto delas é considerado como a variável dependente a ser predita ou explicada por outras variáveis, denominadas variáveis independentes; e as Técnicas de Interdependência, onde tanto o conjunto quanto o número de variáveis podem ser definidos como dependentes ou independentes, envolvendo a análise simultânea de todas as variáveis no conjunto, como é o caso da Análise Fatorial (AF).

Mingoti (2005) propõe outra abordagem, dividindo as técnicas em Técnicas de Inferência Estatística e Técnicas Exploratórias. As técnicas de inferência estatística possibilitam extrair conclusões sobre a população a partir de informações de uma amostra multivariada, enquanto as técnicas exploratórias simplificam a estrutura de variabilidade dos dados, muitas vezes não dependendo do conhecimento prévio da distribuição de probabilidade dos dados amostrais. Exemplos frequentemente utilizados dessas técnicas exploratórias incluem a Análise de Componentes Principais (ACP) e AF.

A ACP e a AF tem como objetivo principal, reduzir a dimensionalidade do espaço das variáveis. Devido a essa similaridade entre as duas técnicas, muitos autores consideram a ACP como uma alternativa à AF. No entanto, segundo Regazzi (2002), essa consideração pode gerar confusão, pois existem diferenças substanciais entre as duas abordagens: na ACP, a ênfase está na explicação da variância total, ao passo que na AF visa-se explicar as covariâncias entre as variáveis resposta; na AF, as variáveis originais são expressas como combinações lineares dos fatores, enquanto na ACP, os fatores são funções lineares das variáveis originais. Fundamentalmente, a ACP não exige pressuposições, enquanto a AF requer várias pressuposições essenciais, que são mais conceituais do que estatísticas, como, por exemplo, a necessidade de correlações significativas entre as variáveis para a aplicação da técnica, e a condição de que cada fator comum deve ter uma variância igual a um, entre outras. Além disso, se o número de fatores for alterado, os fatores estimados na AF também se alteram, ao passo que isso não ocorre na ACP.

A análise fatorial é uma das técnicas multivariadas mais reconhecidas, tendo suas origens nos estudos desenvolvidos por Charles Spearman (1904), que concebeu um fator como um índice geral de inteligência. Segundo Johnson e Wichern (2002), o modelo fatorial é fundamentado no seguinte raciocínio: se as variáveis podem ser agrupadas por suas correlações, ou seja, se todas as variáveis dentro de um grupo específico estão altamente correlacionadas entre si, mas têm correlações relativamente baixas com variáveis em grupos diferentes, então é plausível que cada conjunto de variáveis represente um único fator, responsável pelas correlações observadas.

Fernandes e Lima (1991) descrevem que a AF possui como princípio básico a redução do número original de variáveis resposta a um conjunto menor de "fatores" (ou variáveis latentes) independentes e não observados, os quais explicam de maneira simples e reduzida as variáveis originais.

De acordo com Toledo e Nicoletta (2002), a AF envolve três etapas: a obtenção da matriz de correlação entre as variáveis; a extração dos fatores comuns utilizando métodos como o das componentes principais e o da máxima verossimilhança; e a rotação dos eixos relativos aos fatores comuns. É comum deparar-se com uma matriz de difícil interpretação, na qual não é possível identificar quais variáveis são mais importantes para cada fator. Diante desse problema, procede-se à rotação da matriz de cargas fatoriais, associando de maneira mais clara um número de variáveis a cada fator, simplificando a solução e facilitando a interpretação.

Independentemente da abordagem adotada, a análise multivariada oferece uma variedade de métodos com diferentes propósitos. Portanto, é crucial escolher o método

apropriado para os dados em questão, aplicá-lo corretamente, interpretar os resultados adequadamente e extrair conclusões válidas (Reis, 1997).

2.6 Referências Bibliográficas

ABCCMM - Associação Brasileira Dos Criadores Do Cavalo Mangalarga Marchador, Padrão da raça. Belo Horizonte: **ABCCMM**, 2020, 8p.

ABCCMM - Associação Brasileira dos Criadores do Cavalo Mangalarga Marchador. Regulamento do serviço de registro genealógico do Cavalo Mangalarga Marchador. Belo Horizonte: **ABCCMM**, 2007, 36p.

ALBUQUERQUE, L. G.; BERGMANN, J. A. G.; OLIVEIRA, H. N.; TONHATI, H.; LÔBO, R. B. Princípios de avaliação genética. **Universidade Federal Rural do Semi-Árido, 2008**. Disponível em: < <http://www2.ufersa.edu.br/portal/view/uploads/setores/183/arquivos/PRINCIPIOS20DE%20AVALIACAO%20GENETICA.pdf>>. Acesso em: 25 de julho de 2023.

ÁLVAREZ, I., VALERA, M., & GÓMEZ, M. D. (2014). Heritability of racing performance in the Thoroughbred horse. **Livestock Science**, 161, 20-26.

ÁRNASON, T. Genetic studies on conformation and performance of Icelandic Toelter Horse. I. Estimation of non-genetic effects and genetic parameters. **Acta Agriculturae Scandinavica**, v.34, n.4, p.409-427, 1984.

ARNASON, T; VLECK, L. D. V. **Genetic improvement of the horse**. Faculty Paper and Publications in Animal Science pela Universidade de Nebraska. Publicado em The Genetics of the Horse, ed.1, [S.I]: A. T. Bowling & A. Ruvinsky, p.473-497, Lincoln, 2000.

ASSIS, J.B.; LAAT, D. M.; PEIXOTO, M. G.; BERGMANN, J. A.; FONSECA, C. G.; CARVALO, M. R. Genetic diversity and population structure in Brazilian Mangalarga Marchador horses. **Genetic and Molecular Research**, v. 8, n. 4, p. 1519-1524, 2009.

ASTIZ, C. S. **Valoración morfológica de los animales domésticos**. Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino-España, 2009. 864p

BALAN, J. A. O.; FONSECA, R.; OIKAWA, S. M. **Comparação de Métodos Estatísticos para Estimação de Parâmetros Genéticos de Cavalos da Raça Quarto de Milha**. In: 1º Encontro Internacional de Ciências Agrárias e Tecnológicas, São Paulo, 2016.

BALBÉ, D.D.; RORATO, P.R.N.; ANDREAZZA, J.; KIPPERT, C.J.; LOPES, J.S.; WEBER, T.; BOLIGON, A.A.; FERREIRA, G.B. **Tendências genética e fenotípica para ganho de peso médio diário entre a desmama e o sobreano em uma população Angus x Nelore**. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v.59, n.1, p.225-232, Belo Horizonte, 2007.

BALTAZAR, G. A Importância do Melhoramento Genético Animal. **Revista Agron - Agronegócio Online**, 2016. Disponível em: < <https://www.agron.com.br/publicacoes/informacoes/artigos-tecnicos/2016/08/16/049928/a-importancia-do-melhoramentogenetico-animal.html>>. Acesso em: 28 de julho de 2023.

BATISTA, G. M.; DEUS JUNIOR, J.; OZAKI, M. K.; FERREIRA, P. R. O. S. Genética Equina: testes Genéticos. **Revista Conexão Eletrônica**, Mato Grosso do Sul, v. 14, n. 1, p. 754-762, 2017.

BATISTON, N. R. **Modelo de Avaliação Genética e Tendências Fenotípicas para o Desempenho de Cavalos da Raça Quarto de Milha em Provas de Corrida no Brasil**.

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Bacharelado em Zootecnia, da Universidade Federal de São João Del Rei, Minas Gerais, 2017.

BRINKS, J.B. **Diferença esperada na Progênie – Definições, cálculos, interpretações e usos.** Manual do criador. Tradução pela equipe do Núcleo de zootecnia, UNESP, Botucatu, 2010.

BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, É. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics, selection, evolution.** v. 29, n. 1, p. 5–23, 1997.

BORTOT, D. C. Aspectos da Reprodução Equina: inseminação Artificial e Transferência de Embrião: Revisão de Literatura. **Revista Científica Eletrônica de Medicina Veterinária**, Ano XI, n. 21, São Paulo, 2013.

BOWLING, M. **Preservation Breeding and Population Genetics.** 1995. Disponível em: <<http://cmkarabians.com/articles/>>. Acesso em: 29/06/2023.

CARRARA, E. R. **Estimativas de herdabilidades e tendências genéticas para ácidos graxos no leite de vacas da raça Holandesa sob inferência bayesiana.** Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Zootecnia) - Universidade Federal de São João del Rei, São João del Rei – MG, 2015.

CERVANTES, I.; MOLINA, A.; GOYACHE, F.; GUTIÉRREZ, J. P.; VALERA, M. Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. **Livestock Science**, v. 113, n. 1, p. 24–33, 2008.

CESCAG GENÉTICA – Centro de Biotecnologia e Reprodução Animal. **Quarto de Milha: Informações da Raça.** Disponível em: . Acesso em 13 de mar. de 2019.

CONTE, G., A. SERRA, P. CREMONESI, S. CHESSA, B. CASTIGLIONI, A. CAPPUCCI, E. BULLERI, and M. MELE. 2016. Investigating Mutual Relationship among Milk Fatty Acids by Multivariate Factor Analysis in Dairy Cows. **Livestock Science** 188, 124–394. 461 doi:10.1016/j.livsci.2016.04.018.

COSTA, M. D.; BERGMANN, J. A. G.; PEREIRA, C. S. et al. Caracterização das proporções morfométricas dos pôneis da raça Brasileira. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.50, n.4, p.455-460, 1998.

COSTA, M. D.; MENDES, L. J.; MARUCH, S.; RAMIREZ, P. A.; MENESES, A. C. A.; MARTINS NETO, T.; RUAS, J. R. M.; CHAMONE, J. M. A. Efeito da composição genética nas características de conformação em equinos. **Revista Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, Minas Gerais, v.68, n.6, p.1629-1637, 2016.

CUNHA, E. E. et al. **Variabilidade genética e limite da seleção em populações de diferentes tipos de acasalamento:** Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia. 56: 242-250 p. 2004.

CURI, R. A. et al. **Seleção assistida por marcadores para o melhoramento do desempenho de equinos em corridas.:** Boletim de Indústria Animal. 70: 88-102 p. 2013.

DA MOTA, M. D. S.; PRADO, R. S.; SOBREIRO, J. **Caracterização da População de Cavalos Mangalarga no Brasil:** Arch. Zootec. 55: 31-37 p. 2006.

DA MOTA, M. D. S.; REGITANO, L. C. A. Some Peculiarities of Horse Breeding. In: JAVED, D. K. (Ed.). **Livestock Production:** INTECH, 2012. p.33-46. ISBN 978-953-51-0814-6.

DE LAAT, D. M. **Contribuição Genética de Fundadores e Ancestrais na Raça Campolina.** 2001. (MSc). Universidade Federal de Minas Gerais., Belo Horizonte.

- DELGADO, J. V.; GÓMEZ, M.; RONQUILLO, J. Comportamiento de los niveles de consanguinidad en la raza equina Hispano-Árabe. **Actas Iberoamericanas de Conservación Animal**, v. 1, p. 89-101, 2011. Disponível em: <http://www.uco.es/conbiand/aica/templatemo_110_lin_photo/articulos/2011/Gomez2011_1_98_101.pdf>. Acesso em: 10 out. 2015.
- DELGADO, J. F.; ANDRÉS, N. DE; VALERA, M.; GUTIÉRREZ, J. P.; CERVANTES, I. Assessment of population structure depending on breeding objectives in Spanish Arabian horse by genealogical and molecular information. **Livestock Science**, v. 168, n. 0, p. 9–16, 2014.
- DIAS, M. A. D. **Fatores não genéticos e desempenho de cavalos Puro Sangue Inglês no Brasil**. 2010. 61 f. Dissertação (Pós-Graduação em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.
- ELER, J. P. Teorias e métodos em melhoramento genético animal: I – Bases do melhoramento genético animal. **Grupo de Melhoramento Animal da Universidade de São Paulo**, 308 f, p1–35, Pirassununga, 2015
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.
- FALCONER, D.S. e MACKAY, T.F. (4.ed.) **Introduction to quantitative genetics**. New York: Longman Group Limited, 1996.
- FERNANDES, T.A.G.; LIMA, J.E. Uso de análise multivariada para identificação de sistemas de produção. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 26, n. 10, p. 1823-1836, out. 1991.
- FERRAZ, J. B. S. e ELER, J. P. Parceria público x privada no desenvolvimento de pesquisa em melhoramento genético animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.216-222, 2010.
- FONSECA, C. G.; **Formação e evolução de um rebanho equino da raça Campolina**. 1973. 70f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG.
- GHARAHVEYSI, S.; IRANI, M. Inbreeding Study on the Iranian Arab Horse Population: **World Journal of Zoology** 6: 1-6 p. 2011.
- GIANNONI, M.A. **Métodos de melhoramento genético e sistemas de acasalamentos aplicados aos equinos**. Jaboticabal: FUNEP, 1988, 63p.
- GÓMEZ, M.; RONQUILLO, J.; DELGADO, J. V. Comportamiento de los niveles de consanguinidad en la raza equina Hispano-Árabe. **Actas Iberoamericanas de Conservación Animal**, v. 1, p. 89-101, 2011. Disponível em: <http://www.uco.es/conbiand/aica/templatemo_110_lin_photo/articulos/2011/Gomez2011_1_98_101.pdf>. Acesso em: 20 /06/2023.
- GONÇALVES, R. W.; COSTA, M. D.; ROCHA JÚNIOR, V. R.; COSTA, M. R.; SILVA, E. S. P.; RIBEIRO, A. M. F. Inbreeding effect on reproductive traits in a herd of Mangalarga Marchador Brazilian horses. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.** v. 12 , n. 3, p. 641–649, 2011.
- GONÇALVES, R. W. et al. Efeito da endogamia sobre características morfométricas em cavalos da raça Mangalarga Marchador: **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.** 64: 419-426 p. 2012.
- GROENEVELD, E., WESTHUIZEN, B.V.D., MAIWASHE, A., VOORDEWIND, F., FERRAZ, J.B. S., 2009. **POPREP: a generic report for population management**. *Genetic. Molecular. Res.* 8, 1158–1178.

- GUTIÉRREZ, J. P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: A computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 122, n. 3, p. 172–176, 2005.
- GUTIÉRREZ, J. P., CERVANTES, I., MOLINA, A., VALERA, M., & GÓMEZ, M. D. (2016). Heritability and genetic correlations of morphological traits in Spanish horses. **Livestock Science**, 190, 75-80.
- GONZÁLEZ-RECIO, O., ET AL. (2019). Genetic parameters for competition traits in English Thoroughbred racehorses in Great Britain and Ireland. **Journal of Animal Science**, 97(2), 701-711.
- HAIR JR., J.F.; ANDERSON, R.E.; TATHAM, R.L.; BLACK, W.C. Análise Multivariada de Dados. Tradução de A.S. Sant'Anna e A. Cloves Neto, 5. ed. Porto Alegre: Bookman, 2006. 593 p.
- HAIR JR., J.F.; BLACK, W.C.; BABIN, B.J.; ANDERSON, R.E.; TATHAM, R.L. Multivariate Data Analysis. 7 ed. Upper Saddle River: Prentice Hall, 2009. 785p.
- HENDERSON, C.R. Recent Developments in Variance and Covariance Estimations. **Journal Animal Science**, v.63, p.208-216, 1986.
- HOLANDA, M.C.R., S.B.P. BARBOSA, A.C. RIBEIRO e K.R. SANTORO Tendências genéticas para crescimento em bovinos Nelore em Pernambuco. **Archivos de Zootecnia**, v.53, p.185-194. Pernambuco, 2004.
- HOULE, D. Comparing Evolvability and Variability of quantitative traits. **Genetics**, v.130, p.195-204, 1992.
- JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. Applied multivariate statistical analysis. 5. ed. New Jersey: Prentice Hall, 2002. 767p.
- KJÖLLERSTRÖM, H. J.; GAMA, L. T.; OOM, M. M. Impact of inbreeding on fitness-related traits in the highly threatened Sorraia horse breed. **Livestock Science**, v. 180, n. , p. 84-89, 2015.
Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/281125297_Impact_of_inbreeding_on_fitness-related_traits_in_the_highly_threatened_Sorraia_horse_breed>. Acesso em: 02/08/2023.
- LACY, R. C.; ALAKS, G.; WALSH, A. Hierarchical Analysis of Inbreeding Depression in *Peromyscus polionotus*. **Evolution**, v. 50, n. 6, p. 2187–2200, 1996.
- LIRA, T.S; PEREIRA, S.; LOPES F.B.; FERREIRA, J.L.; LÔBO, R.B.; SANTOS, G.C.J. Tendências genéticas para características de crescimento em plantel Nelore criados na região do trópico úmido do Brasil. **Ci. Anim. Bras., Goiânia**, v.14, n.1, p.23-31, jan./mar. 2013.
- LOPES, P.S.; TORRES, R.A.; PIRES, A.V. **Teoria do melhoramento animal**. Viçosa-MG, 2000. 102 p.
- MACCLUER, J. W.; BOYCE, A.J.; DYKE, B.; WEITKAMP, L. R.; PFENNIG, D. W.; PARSONS, C. J. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. **J Hered.** v. 74, p. 394–399, 1983.
- MACCIOTTA, N. P. P., A. CECCHINATO, M. MELE, and G. BITTANTE. 2012. “Use of Multivariate Factor Analysis to Define New Indicator Variables for Milk Composition and Coagulation Properties in Brown Swiss Cows.” **Journal of Dairy Science**: 7346–7354. doi:10.3168/jds.2012-5546.

MADUREIRA, A.P.; OLIVEIRA H.N.; ROSA, G.J.M.; BEZERRA, L.F.; MARQUES, L.F.A. Inferência bayesiana na predição de valores genéticos do peso aos 365 dias de bovinos de corte. **Archivos de Zootecnia**, v.58, n.222, p.265-275, 2009.

MAPA. **Revisão do Estudo do Complexo do Agronegócio do Cavalo**. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Brasília, 2016. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/camaras-setoriais-tematicas/documentos/camaras-setoriais/equideocultura/anos-anteriores/revisao-do-estudo-o-do-complexo-do-agronegocio-do-cavalo/view>>. Acessado em: 18 maio 2023. MEYER, K. (2012). WOMBAT: a program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. **Journal of Zhejiang University Science B**, 13(11), 871-881.

MINGOTI, S.A. Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada. Belo Horizonte: UFMG, 2005. 295p.

MISERANI, M.G.; McMANUS, C.; SANTOS, S.A. et al. Avaliação de fatores que influem nas medidas lineares do cavalo Pantaneiro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.1, p.335-341, 2002.

MOLINA, A.; VALERA, M.; SANTOS, R. et al. Genetic parameters of morphofunctional traits in Andalusian horse. **Livestock Production Science**, v.60, p.295-303, 1999.

MOTA, M.D.S. e GIANNONI, M.A. Efeitos genéticos e de ambiente sobre alguns caracteres de conformação e locomoção em equinos da raça Mangalarga. **Revista Portuguesa de Ciências Veterinárias**, v.89, n.512, p.192-196, 1994.

MOTA, M.D.S. e PRADO, R.S.A. Estudo genético da pontuação total em equinos Mangalarga. **Archivos de Zootecnia**, v.54, n.205, p.25-30, 2005.

MOTA, M. D. S. e CORRÊA, M. J. M. Parâmetros Genéticos para Índice de Velocidade em Cavalos da Raça Quarto de Milha. **Revista Archivos de Zootecnia**, v. 53, n. 204, p. 387- 390, São Paulo, 2004.

MOTA, M.D.S.; PRADO, R.S.A. FERREIRA, D.F.M.G. Estimativa de parâmetros genéticos para o deslocamento em cavalos da raça Mangalarga. **Archivos de Zootecnia**, v.55, n.210, p.207-210, 2006.

OLIVEIRA, P.R. **Parâmetros genéticos de características de crescimento e carcaça em suínos**. 2015. 38 p. Monografia (Graduação)-Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis.

OLSSON, E.G.; ÁRNASON, T.; NÄSHOLM, A. et al. Genetic parameters for traits at performance test of stallions and correlations with traits at progeny tests in Swedish warmblood horses. **Livestock Production Science**, v.65, p.81-89, 2000.

PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 4.ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2004. 609p.

PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2012. 758.

PETERSEN, J. L.; MICKELSON, J. R.; CLEARY, K. D.; MCCUE, M. E. The american quarter horse: Population structure and relationship to the thoroughbred. **Journal of Heredity**, v. 105, n. 2, p. 148–162, 2014.

PETRY, R. ET AL. **Medidas lineares e índices morfométricos de equinos em propriedades rurais na cidade de francisco beltrão**. Congresso de Ciência e Tecnologia da UTFPR, Câmpus Dois Vizinhos. 2012. p. 315-319.

- PINHEIRO, M.; KJÖLLERSTRÖM, H. J.; OOM, M. M. Genetic diversity demographic structure of the endangered Sorraia horse breed assessed through pedigree analysis. **Livestock Science**, v. 152, n. 1, p. 1-10, 2013. Disponível em: <[http://www.livestockscience.com/article/S1871-1413\(12\)00438-6/abstract](http://www.livestockscience.com/article/S1871-1413(12)00438-6/abstract)>. Acesso em: 12/07/2023.
- PRADO, R.S.A.; MOTA, M.D.S. Genetic parameters for biometric traits in Mangalarga horses. **Revista Electrónica de Veterinaria**, v.9, n.12, p.1-15, 2008.
- PROCÓPIO, A.M.; BERGMANN, J.A.G.; COSTA, M.D. Formação e demografia da raça Campolina. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.55, n.3, p.361-365, 2003.
- PROCÓPIO, A. M. **Análise cinemática da locomoção de equinos marchadores**. 2005. 69f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.
- REGATIERI, I. C.; MOTA, M. D. S. Melhoramento genético de equinos: aspectos bioquímicos. **Revista ARS Veterinária**, Universidade Estadual Paulista, v.28, n.4, p.227– 233, Jaboticabal, 2012.
- REGAZZI, A.J. Análise Multivariada. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. (INF-766) notas de aula, 2002.
- REIS, E. Estatística Multivariada Aplicada. Lisboa: Edições Silabo, 1997. 343p.
- ROOS, L.; HINRICHS, D.; NISSEN, T.; KRIETER, J. Investigations into genetic variability in Holstein horse breed using pedigree data. **Livestock Science**, v. 177, p. 25–32, 2015. Elsevier.
- SAIRANEN, J. et al. Effects of inbreeding and other genetic components on equine fertility. *Animal*, v. 3, n. 12, p. 1662-72, Dec 2009. ISSN 1751-7311 (Print) 1751-7311 (Linking).
- SANCHES, B. V., LIMA, F. S., GOULART, L. R., & MARTINS, T. A. (2017). Population structure of Thoroughbred horses in Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 46, 215-221.
- SÁNCHEZ, J. P., HERNÁNDEZ-SÁNCHEZ, J., ZORRILLA-FONTANESI, Y., & AGUILAR, I. (2019). Heritability and genetic correlations of racing performance traits in Quarter Horse. **Livestock Science**, 229, 127-132.
- SANTOS, G. C. J; LOPES, F. B.; MARQUES, E. G; SILVA, M. C; CAVALCANTE, T.V; FERREIRA, J. L. Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos nelore da região Norte do Brasil. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 34, p. 97-101, 2012.
- SILVA, M.V.G.B.; FERREIRA, W.J.F.; COBUCI, J.A. et al. Efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos 33 do ecótipo Mantiqueira. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.4, p.1236-1242, 2001.
- SILVA, R. M. O.; STAFUZZA, N. B.; FRAGOMENI, B. O.; CAMARGO, G. M. F.; CEACERO, T. M.; CYRILLO, J. N. S. G.; BALDI, F.; BOLIGON, A. A.; MERCADANTE, M. E. Z.; LOURENCO, D. L.; MISZTAL, I.; LUCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE, L. G. Genome-Wide Association Study for Carcass Traits in an Experimental Nelore Cattle Population. **PLoS ONE**, v. 12, n. 1, 2017.
- SILVA, J. B., et al. (2018). Estimation of genetic parameters for morphological traits in Lusitano horses. **Journal of Equine Veterinary Science**, 64, 16-20.

- SNUSTAD, D. P.; SIMMONS, M. J. **Fundamentos de Genética**. 4^a Ed. Guanabara Koogan S A, 2008. 922.
- TEEGEN, R.; EDEL, C.; THALLER, G. Population structure of the Trakehner Horse breed. **Animal**, v. 3, n. 01, p. 6, 2009.
- TEIXEIRA, F. R. F., M. NASCIMENTO, A. C. C. NASCIMENTO, F. F. SILVA, C. D. CRUZ, C. F. AZEVEDO, D. M. PAIXÃO, et al. 2016. Factor analysis applied to genome prediction for high-dimensional phenotypes in pigs. **GENETICS AND MOLECULAR RESEARCH**: 1–10. doi:10.4238/gmr.15028231.
- TOLEDO, L.G. de; NICOLELLA, G. Índice de Qualidade de Água em Microbacia Sob Uso Agrícola e Urbano. *Scientia Agricola*, Piracicaba, v. 59, n. 1, p. 181-186, jan./mar. 2002.
- VALERA, M.; MOLINA, A.; GUTIÉRREZ, J. P.; GÓMEZ, J.; GOYACHE, F. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livestock Production Science**, v. 95, n. 1-2, p. 57–66, 2005.
- WOOD, G. M.; BOETTCHER, P. J.; JAMROZIK, J.; JANSEN, G. B.; KELTON, D. F. Estimation of genetic parameters for concentrations of milk urea nitrogen. **Journal of Dairy Science**, v.86, p.2462–2469, 2003
- ZAMBORLINI, L.C; BERGMANN, J.A.G.; PEREIRA, C.S. et al. Estudo genético quantitativo das medidas lineares da raça Mangalarga Marchador –I. Estimativas dos fatores de ambiente e parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Ciência Veterinária**, v.3, n.2, p.33-37, 1996.

3. OBJETIVOS GERAIS E ESPECÍFICOS

Objetivou-se investigar a relação entre características morfológicas e de andamento em cavalos da raça Mangalarga Marchador, por meio da análise de fatores, assim como identificar variáveis latentes com relevância biológica (pseudo-fenótipos) e estimar seus parâmetros genéticos via inferência Bayesiana. Além disso, objetivou-se estimar os coeficientes de endogamia na população e avaliar depressão endogâmica sobre as características morfológicas e de andamento avaliadas na raça Mangalarga Marchador.

4. ARTIGO 1

Genetic parameters for latent variables derived from factor analysis of morphological and gait traits in Mangalarga Marchador horses

Cristian Silva Teixeira^a, Pedro Vital Brasil Ramos^a, Eula Regina Carrara^a, José Teodoro de Paiva^a, Daniele Botelho Diniz Marques^a, Moysés Nascimento^b, Ana Carolina Campana Nascimento^b, Tiago Toledo Bittencourt e Alves^a, Fabyano Fonseca e Silva^a, Paulo Sávio Lopes^a, Yame Fabres Robaina Sancler-Silva^a

^aDepartamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Av. P.H. Rolfs, 36570-900, Viçosa, Minas Gerais, Brazil

^bDepartamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa, Av. P.H. Rolfs, 36570-900, Viçosa, Minas Gerais, Brazil

*Corresponding author, email: cristian.teixeira@ufv.br

HIGHLIGHTS

- Factor analysis allows identifying latent variables with biological relevance in horses.
- Morphological and gait evaluation in horses can improve the breed's genetic gain.
- Factor analysis reduces the dimensionality of variables and computational demand.
- Multivariate analysis in horses contributes to the genetic progress of the breeds.
- Multitrait evaluation allows evaluating genetic evolution in horses.
- Bayesian inference allows estimating genetic parameters in horses.

ABSTRACT

We aimed to identify latent variables with biological relevance through a factor analysis for morphological and gait traits in Mangalarga Marchador (MM) horses and estimate their genetic parameters via Bayesian inference. A total of 15 morphological and performance traits were collected from 50,172 horses: withers height, croup height, thoracic perimeter, cannon bone perimeter, head length, neck length, back and loin length, croup length, shoulder length, body length, head width, croup width, morphofunctional points, gait and total points. The dataset was provided by the Brazilian Association of Mangalarga Marchador Horse Breeders (ABCCMM). A factor analysis was performed and six latent factors that explained 73% of the total variance of the data were extracted. From them, four factors showed biological relevance, namely “height” (F1), “gait ability” (F2), “robustness” (F3) and “head size” (F4), and were explored in genetic analysis. The heritability estimates of the latent factors were of moderate to high magnitudes (0.47, 0.29, 0.42 and 0.40, for F1, F2, F3 and F4, respectively). The genetic correlations ranged from zero to high magnitudes, with noteworthy values observed between factors F1 and F4 (0.80), F1 and F3 (0.444), and F3 and F4 (0.33). The factor analysis showed to be an adequate alternative for reducing the dimensionality of variables and, consequently, the computational demand in the genetic evaluation of MM horses. Moderate heritabilities indicate the possibility of effective selection of horses based on these traits. In general, the correlations suggest that the selection of factors may result in genetic gains ranging from negative to high for other factors. Therefore, the four factors are indicated to be used as selection criteria in MM horse breeding programs, which might contribute to the genetic improvement of the breed.

Keywords: Equine, multivariate statistics, morphology, gait, genetic progress.

INTRODUCTION

The horse industry in Brazil, with a herd of approximately five million animals, moves around R\$ 16.15 billion annually and is responsible for over 3.5 million jobs, playing a fundamental role in the national economy (Lima and Cintra, 2016). The Mangalarga Marchador (MM), a genuinely Brazilian horse breed from the state of Minas Gerais, is among the main breeds reared in Brazil. The Brazilian Association of Mangalarga Marchador Horse Breeders (ABCCMM) has the largest number of registered animals and members, standing out as the largest association in Latin America.

Despite the importance of MM for the equine industry in Brazil, genetic studies for this breed and the estimation of genetic parameters for economically important traits, mainly related to morphology and gait, are still scarce when compared to other production animals. Among the morphological traits, the following stand out: withers and croup heights; head, neck, back, croup, shoulder and body lengths; head and buttock widths; and thoracic and shin perimeters (Petry et al., 2012). The gait traits, in turn, are related to the quality and type of gait. Therefore, the selection of the best MM individuals may involve a large number of traits.

Multitrait genetic models can be applied for genetic evaluation of animals when multiple traits should be considered. However, serious limitations may arise related to the high complexity of the statistical model and, consequently, high computational demand. In addition, the selection for multiple traits through selection indexes is complex, since it requires the development of economic values for the traits and the genetic gain may be reduced as the number of traits included in the index increases (Macciotta et al., 2012).

A suitable alternative to optimize the genetic evaluation in this context is the use of multivariate statistical methods to reduce the dimensionality of a large number of traits through the identification of a small group of latent variables. The use of a reduced number of new alternative variables with biological relevance decreases computational demand and allows greater genetic gain for all traits (Teixeira et al., 2016).

Among the multivariate methods, factor analysis allows identifying a smaller number of new unrelated latent variables (factors), which summarize the main information of the original variables (Conte et al., 2016). In addition, the factors can be treated as pseudo-phenotypes in genetic evaluation models, allowing the joint selection for a group of traits. Although there are few researches applying multivariate methods in the genetic studies of horses, several studies involving factor analysis in other species have been reported in literature (Silva et al., 2011; Aspilcueta-Borquis et al., 2012; Macciotta et al., 2015; Teixeira et al., 2015; Nakano et al., 2015; Conte et al., 2016; Paiva et al., 2019). Therefore, we aimed to identify

latent variables with biological relevance (pseudo-phenotypes) through a factor analysis for morphological and gait traits in MM horses and estimate their genetic parameters under a Bayesian framework.

MATERIAL AND METHODS

Phenotypic data

The dataset was provided by the ABCCMM Genealogical Registry Service. Data of sex, date of birth, date of the horse identification form, and morphological and functional traits measured by technicians trained and accredited by ABCCMM were recorded from 50,172 horses between 1950 and 2018. The pedigree file included seven generations with a total of 222,990 animals, of which 16,816 were sires and 80,470 were dams.

The following morphological traits, measured in animals aged approximately 36 months at the time of *inspection for registration*, were analyzed:

1) Withers height (WH) – represents the measurement from the ground to the highest point of the withers, between the upper edges of the two shoulders; 2) Croup height (CH) - measurement from the ground to the central and highest part of the sacral region, included between the internal angles of the iliac bones; 3) Thoracic perimeter (TP) - circumference from the end of the withers to the passage of the concave part of the sternum; 4) Cannon bone perimeter (CP) - circumference of the middle third of the metacarpal bone; 5) Head length (HL) - distance between the proximal end of the head and the tip of the snout; 6) Neck length (NL) - distance between the cranial end of the dorsal arch of the atlas and the middle third of the cranial edge of the scapula; 7) Back and loin length (BL) - distance between the end of the withers and the iliac tuberosity; 8) Croup length (CL) - distance between the tip of the hip and the tip of the buttock; 9) Shoulder length (SL) - distance between the dorsal edge of the scapular cartilage and the tip of the shoulder; 10) Body length (BL) - distance from the tip of the shoulder to the tip of the buttock; 11) Head width (HW) - distance between the lateral edges of the forehead at the height of the eye sockets; and 12) Croup width (CW) - distance between the right and left hip region ends (Figure 1).



Figure 1: Measurements of morphological traits in Mangalarga Marchador horse: 1- Withers height (WH); 2- Croup height (CH); 3- Thoracic perimeter (TP); 4- Cannon bone perimeter (CP); 5- Head length (HL); 6- Neck length (NL); 7- Back and loin length (BL); 8- Croup length (CL); 9- Shoulder length (SL); 10- Body length (BL); 11- Head width (HW); and 12- Croup width (CW).

Additionally, morphofunctional points (MP), gait (GA) and total points (TPO) were also analyzed. The morphofunctional points (MP) are points assigned to the animal through a visual assessment, performed by an ABCCMM technician. In this evaluation, the main morphological traits related to the animal's functionality are considered, in addition to the pace and gallop traits. The score ranges from 1 to 100 based on the breed pattern defined by the ABCCMM. Therefore, animals with greater harmonies of morphofunctional traits receive the highest points. The description of the traits and their values in the composition of MP are presented in Table 1.

Table 1. Description of traits evaluated for the composition of morphofunctional points in Mangalarga Marchador horses.

Specification *	Values
I – Appearance	4 points
II – Head	5 points
III -Characterization/expression	10 points
IV – Neck	4 points
V – Upper	23 points
VI – Thoracic limbs	24 points
VII – Pelvic limbs	20 points
VIII – Action	10 points
Total	100 points

* I (general assessment of exterior and temperament); II (ear, forehead, chamfer, eyes, nostrils, mouth, throat, muzzle and cheek); III (conformation and proportion of body parts); IV (pyramid shape); V (Withers, Chest, Thorax, Back and loin, Point of Hip, Croup, Tail); VI (Shoulder, Forearm, Knee, Cannon, Fetlock, Pastern, Hoof, Posture); VII (Thigh/Gaskin, Hock, Cannon, Fetlock, Pastern, Hoof, Posture); VIII (Step, Gallop).

The GA is also a score assigned by visual assessment, which ranges from 1 to 100, according to the quality of the animal's gait movement at different speeds. Additionally, a score of 0 may appear, in which case the individuals are disqualified for not exhibiting the undesirable type of gait. Animals that perfectly meet all morphological and gait criteria receive maximum points (100 points). The GA is based on the following eight criteria for its composition:

- 1) Support - is the contact of the animal's hoof on the ground and its maintenance, with total or partial support of the hoof. The support is divided into: i) diagonal support, when the hoof of one of the diagonal bipeds is in contact with the ground; ii) lateral support, when one of the side bipeds is in contact with the ground; iii) triple support, when one member remains in total suspension and the other three in total or partial contact with the ground); and iv) monopodal support, when three members are in total suspension and only one is in full or partial support with the ground; 2) Footprint type - represents the signal left by the hoof when passing by. During the extension of the limb and support, the posterior limb can make three types of footprints: overlapped (when the posterior supports over the place where the previous one had supported); backward (when the posterior supports behind the trail of the anterior); and overextended (when the posterior supports in front of the trail of the anterior); 3) Gait gesture - represents the quality of the diagram (characteristic that describes stride orders and sequence of

contact of the animal's limbs with the ground) with the animal's dissociation, combined with the posterior and anterior movements quality; 4) Convenience - represents the comfort that the horse provides to the rider while riding, It is evaluated by the technician who rides the animal and assigns a grade based on the horse's softness.; 5) Style - combination of a noble, elegant posture and in harmony of movements with a set of front oblique to the ground and the tail juxtaposed to the body; 6) Dressage - combination of respect for the control of reins, legs and seat, temperament and submission of the animal during gait assessment; 7) Performance - easiness that a horse has to travel a greater distance with the least number of strides possible. The strides must be elastic and wide; 8) Regularity - represents the maintenance of the gait movement during the evaluation test. It is desirable that the animal always maintains the diagram, movement, style, comfort and the same pace during the presentation.

The total points (TPO) is defined as the sum of morphofunctional and gait points.

Data consistency analysis was performed using the R software (R Core Team, 2019). Duplicated animals, animals with no sex information, date of birth, review date, age at review lower than 910 days and greater than 5500 days (i.e., age at review ranged from 2.5 to 15 years), and with all phenotypes equal to zero were excluded. Data of gait and morphology points greater than 100, final points greater than 200, and morphology and total points equal to zero were considered missing. If a score was considered a missing data, the other points in that review were also considered missing data. Contemporary groups (CG) were defined by the combination of animals' year and season of birth. Animals belonging to CG with less than five records and CG that lacked information on at least two sires were excluded from the analyses. Finally, measurements outside the range of mean \pm three standard deviations within each CG were excluded for morphological traits. After editing the data, measurements of 48,075 animals recorded between the years 1980 and 2016 were analyzed (Table 2).

Table 2. Number of measurements (N), mean, standard deviation (SD), coefficient of variation (CV%), minimum (MIN), maximum (MAX) and number of contemporary groups (NCG) values of the morphological and gait traits of Mangalarga Marchador horses.

Traits ¹	N	Mean	SD	CV%	MIN	MAX	NCG
WH	48075	1.48	0.03	2.02	1.40	1.57	144
CH	48003	1.47	0.03	2.04	1.36	1.56	144
HL	47833	0.57	0.02	3.50	0.50	0.64	144
NL	47781	0.62	0.03	4.83	0.50	0.71	144
BL	47909	0.48	0.04	8.33	0.37	0.77	144
CL	47675	0.51	0.03	5.88	0.41	0.62	144
SL	47798	0.52	0.02	3.84	0.43	0.65	144
BLL	47941	1.50	0.04	2.66	1.36	1.64	144
HW	48032	0.20	0.01	5.00	0.15	0.53	144
CW	47790	0.50	0.02	4.00	0.40	1.71	144
TP	47868	1.72	0.05	2.90	0.51	1.96	144
CP	47832	0.18	0.01	5.55	0.15	0.23	144
GA	46616	61.78	23.93	38.73	0	100.00	134
MP	46616	69.69	11.09	15.91	1.4	100.00	134
TPO	46616	131.47	34.03	25.88	1.4	196.00	134

¹ WH= Withers height; CH = Croup height; HL = Head length; NL = Neck length; BL = Body length; CL = Croup length; SL = Shoulder length; BLL = Back and loin length; HW= Head width; CW = Croup width; TP = Thoracic perimeter; CP = Cannon bone perimeter; GA = Gait; MP = Morphofunctional points; TPO = Total points.

Factor Analysis

Factor analysis is a multivariate statistical method used to synthesize information from observed variables into a smaller set of unobservable latent variables. Initially, the adequacy of the data for factor analysis was assessed using the Pearson's correlation coefficients between the original traits, the Kaiser-Meyer-Olkin test (KMO) and the Bartlett's test of sphericity (Cerny and Kaiser, 1977).

The model used in the factor analysis can be expressed in matrix notation as:

$$Y - \mu = \Gamma F + \varepsilon$$

in which Y is the random vector corresponding to the records of the original variables (traits); μ is the vector of means; Γ is the coefficient matrix (factor loadings) that relates the latent variables to the original variables; F is the random vector of unobservable latent variables (factors); ε is the residual random vector.

Therefore, each of n original variables can be represented as a linear combination of m common factors plus a specific residual variable (Meyer, 2009). In this way, the covariance matrix (Σ) of the original variables can be expressed as:

$$\Sigma = \Gamma\Gamma^T + \psi$$

In which Γ is the matrix of factor coefficients (part shared by all variables - communality) and ψ is the identity matrix of residual (co) variance (uniqueness) (McDonald, 1985).

The extraction of new unobservable latent variables (factors) was performed using the main component method through the “psych” package of the R software (R Core Team, 2019). The varimax algorithm was used for the factor rotation procedure. Rotation consists of transforming the initial factors so that they become oblique or orthogonal, simplifying the structure of the factors and making them independent (Khattree and Naik, 2000). The number of factors extracted was established by the variance criterion, which sets a minimum percentage of 70% of the variance explained as a determinant of the number of factors to be considered (Teixeira et al., 2015).

After identifying the factors related to the original variables, the factor points for each animal were estimated using the weighted least squares method (Bartlett, 1937). The points of the factors that presented biological explanation were considered as pseudo-phenotypes in the genetic analysis.

Factor analysis has some limitations regarding its use. Traditional literature tends to suggest the exclusive use of continuous or discrete variables, as indicated by Figueiredo and Silva (2010). However, with technological advances and the increasing sophistication of available statistical softwares, it is now possible to conduct factor analysis that incorporate categorical variables.

A practical example is the use of the "polychor()" function from the "psych" package in the R statistical environment, which enables factor analysis with categorical variables.

Genetic analysis

The variance components of the pseudo-phenotypes were estimated using the Gibbs sampling algorithm, using the GIBBS1F90 software (Misztal et al., 2002). The multitrait Bayesian model can be expressed in matrix notation as:

$$y = X\beta + Za + e$$

In which y is the vector of observations of the pseudo-phenotypes, assumed as $y|\beta, a, \Sigma_a, \Sigma_e \sim N(X\beta + Za, \Sigma_e \otimes I)$; β is the vector of systematic effects (CG and sex), assuming uniform distribution; a is the vector of random additive genetic effects, $a|\Sigma_a \sim N(0, A \otimes \Sigma_a)$, where A is the additive relationship matrix among the animals, Σ_a is the matrix of additive genetic covariance and \otimes is the Kronecker product; X is the incidence matrix of systematic effects; Z is the incidence matrix of random additive genetic effects; e is the vector of residual effects, $e|\Sigma_e \sim N(0, I \otimes \Sigma_e)$ where I is an identity matrix and Σ_e is the residual covariance matrix. The Inverse Wishart distribution was used as a priori distribution for Σ_a and Σ_e .

A total of 200,000 MCMC (Monte Carlo via Markov Chains) iterations were used for inference. The burn-in and thin sizes were 50,000 and 3 iterations, respectively. The posterior estimates were obtained using the POSTGIBBSF90 program (Misztal et al., 2002) and the convergence was evaluated through the Geweke test (1992).

RESULTS

In the assessment of data adequacy for factor analysis, the estimates of Pearson's correlation coefficients between the 15 traits showed sets of variables with moderate to high correlations (Figure 2), which is favorable for grouping the traits in the factor analysis. In addition, Bartlett's test of sphericity showed statistical significance ($P < 0.01$) and the KMO index was 0.8, which is considered adequate, as suggested by Hair et al. (2014).

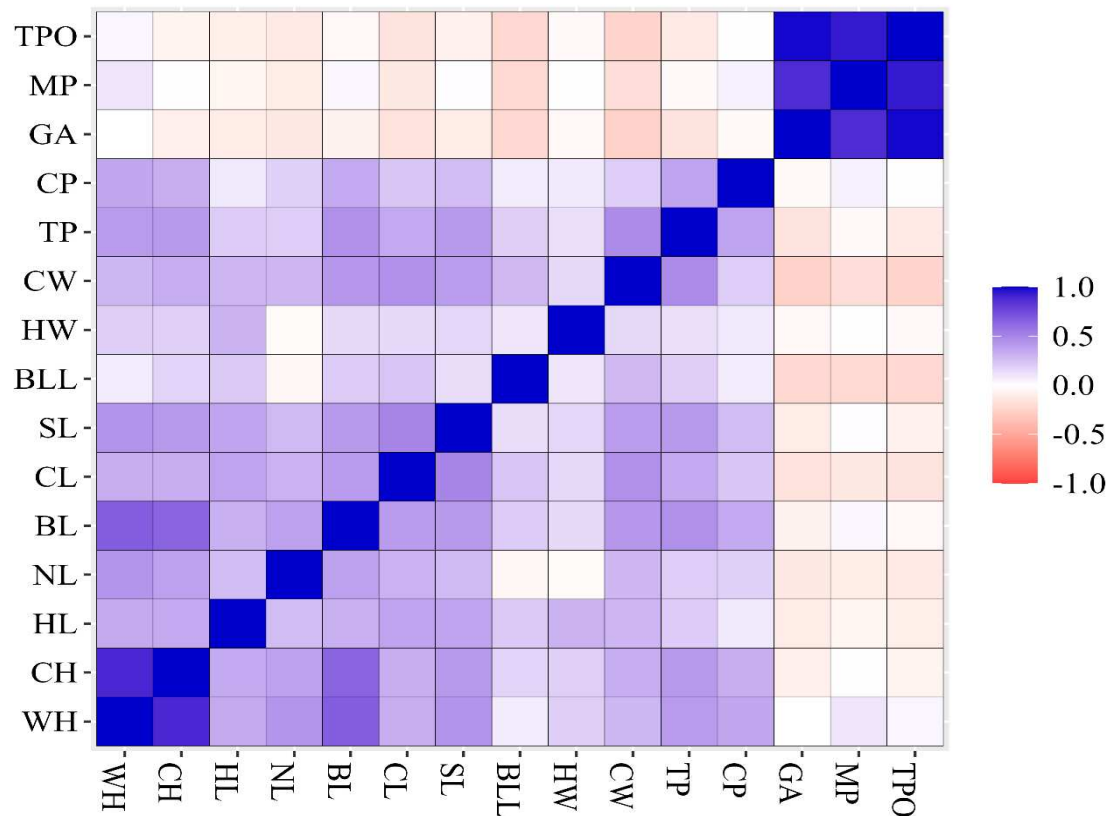


Figure 2. Matrix of Pearson's correlation coefficients between evaluated traits in Mangalarga Marchador horses: WH= Withers height; CH = Croup height; HL = Head length; NL = Neck length; BL = Body length; CL = Croup length; SL = Shoulder length; BLL = Back and loin length; HW= Head width; CW = Croup width; TP = Thoracic perimeter; CP = Cannon bone perimeter; TPO = Total points; GA = Gait; MP = morphofunctional points.

Six latent factors were extracted, that explained 73% of the total variance of the data (Table 3). Among these factors, four showed biological relevance and were explored in genetic analysis.

Table 3. Latent (F_i), communality (h_i^2) and uniqueness (ψ_i) factors for the morphological and performance traits observed in Mangalarga Marchador horses.

Traits ¹	F1	F2	F3	F4	F5	F6	h_i^2	ψ_i
WH	0.90 ²	0.07	0.18	0.12	-0.02	0.19	0.90	0.098
CH	0.89 ²	-0.03	0.15	0.12	0.10	0.18	0.88	0.122
HL	0.32	-0.04	0.53	0.71 ²	0.09	-0.29	0.67	0.326
NL	0.53	-0.14	0.43	-0.21	-0.39	-0.14	0.71	0.291
BL	0.11	-0.16	0.19	0.02	0.90 ²	-0.02	0.88	0.123
CL	0.15	-0.08	0.79 ²	0.05	0.07	0.08	0.66	0.335
SL	0.24	0.01	0.70 ²	0.13	-0.05	0.22	0.60	0.400
BLL	0.71 ²	0.02	0.33	0.00	0.15	0.24	0.70	0.303
HW	0.08	-0.02	0.09	0.93 ²	0.02	0.08	0.89	0.114
CW	0.15	-0.18	0.70 ²	-0.01	0.22	0.22	0.61	0.394
TP	0.24	-0.06	0.43	0.01	0.16	0.61	0.65	0.349
CP	0.25	0.01	0.12	0.05	-0.08	0.77 ²	0.68	0.316
GA	-0.03	0.97 ²	-0.11	-0.03	-0.06	-0.06	0.95	0.047
MP	0.04	0.96 ²	-0.04	0.01	-0.06	0.06	0.93	0.073
TPO	-0.01	0.99 ²	-0.09	-0.01	-0.06	-0.02	0.99	0.006
Variance explained (%)	0.24	0.25	0.21	0.10	0.09	0.11		
Accumulated variance (%)	0.49	0.25	0.69	0.91	1.00	0.81		

¹ WH= Withers height; CH = Croup height; HL = Head length; NL = Neck length; BL = Body length; CL = Croup length; SL = Shoulder length; BLL = Back and loin length; HW= Head width; CW = Croup width; TP = Thoracic perimeter; CP = Cannon bone perimeter; TPO = Total points; GA = Gait; MP = Morphofunctional points.

² Values indicate factor loadings equal or greater to 0.70, which were considered significant for the interpretation of the factor pattern, as proposed by Brow (2015).

The first latent factor (F1) showed a high and positive correlation with WH, CH and BLL (factor loadings ranged from 0.71 to 0.90). Therefore, F1 indicates that the height of the animal is highly correlated with body length in MM horses. The second factor (F2) showed a high and positive correlation with TPO, GA and MP (factor loadings ranged from 0.96 to 0.99), indicating that these traits are related to the animal's gait capacity. The third factor (F3) showed a positive correlation with CL, SL, and CW (factor loadings ranged from 0.70 to 0.79), which are morphological traits related to the animal's robustness. The fourth factor (F4) showed a positive correlation with HL and HW (factor loadings equal to 0.71 and 0.93, respectively),

which are traits that represent the animal's head size. Thus, under biological interpretation, factors 1, 2, 3 and 4 were named height, gait ability, robustness and head size, respectively, according to the different combinations of traits in the four factors.

The posterior means, posterior standard deviations (PSD), and the 95% highest probability density intervals (HPD95%) of the variance components and heritabilities for the four factors (height, gait ability, robustness and head size) are shown in Table 4.

Table 4. Posterior means, posterior standard deviations (PSD) and the 95% highest probability density intervals (HPD95%) of the additive genetic variances (σ_a^2), residual variances (σ_e^2) and heritabilities (h^2) of the four factors evaluated in Mangalarga Marchador horses.

Latent Factors ¹	Parameters	Mean \pm PSD	HPD95%
F1 (height)	σ_a^2	4.20 \pm 0.11	3.97 : 4.44
	σ_e^2	4.72 \pm 0.80	4.56 : 4.87
	h^2	0.47 \pm 0.10	0.44 : 0.49
F2 (gait ability)	σ_a^2	0.27 \pm 0.98	0.25 : 0.29
	σ_e^2	0.66 \pm 0.80	0.65 : 0.68
	h^2	0.29 \pm 0.92	0.27 : 0.30
F3 (robustness)	σ_a^2	0.63 \pm 0.17	0.60 : 0.67
	σ_e^2	0.89 \pm 0.12	0.86 : 0.91
	h^2	0.41 \pm 0.95	0.39 : 0.43
F4 (head size)	σ_a^2	1.00 \pm 0.31	0.942 : 1.06
	σ_e^2	1.51 \pm 0.22	1.472 : 1.55
	h^2	0.39 \pm 0.10	0.378 : 0.41

¹F1= Factor 1; F2= Factor 2; F3= Factor 3; F4= Factor 4.

The posterior means, PSD, and the HPD95% of the genetic correlations between the four factors (height, gait ability, robustness and head size) are shown in Table 5.

Table 5. Posterior means, posterior standard deviations (PSD) and the 95% highest probability density intervals (HPD95%) of the genetic correlations between the four factors evaluated in Mangalarga Marchador horses.

Latent factors ¹	Mean \pm PSD	HPD95%
F1 and F2	-0.11 \pm 0.02	-0.16 ; 0.07
F1 and F3	0.44 \pm 0.01	0.41 ; 0.47
F1 and F4	0.80 \pm 0.00	0.78; 0.81
F2 and F3	-0.01 \pm 0.02	-0.05 ; 0.03
F2 and F4	0.10 \pm 0.02	0.05 ; 0.15
F3 and F4	0.33 \pm 0.01	0.29 ; 0.36

F1= Factor 1 (height); F2= Factor 2 (gait ability); F3= Factor 3 (robustness); F4= Factor 4 (head size).

DISCUSSION

In this study, a factor analysis was performed for 15 morphological and gait traits in MM horses, which allowed the setting of four new latent variables (factors) with biological relevance. Therefore, it was possible to reduce the dimensionality of the evaluated traits and, consequently, the computational demand in ten hours and thirty-six minutes for genetic analyses. The first latent factor (“height”) was associated with WH, CH and BL. Mangalarga Marchador animals present withers and croup heights proportional to their body length, as defined by the breed's racial pattern established by ABCCMM, which explain the significant factor loadings (Table 3). The proportionality between WH, CH and BL are related to better biomechanics during the movement, and better balance, body stability and coordination of the limbs. In addition, the animals’ withers and croup height measurements are similar: WH is usually one to two centimeters higher than CH, as reported by Cabral et al. (2004). For selection purposes, animals with breeding values close to the average for the height factor should be selected, since horses that are not too tall or small are preferred.

The second latent factor (“gait ability”) was associated with TPO, GA and MP. This result suggests that MP has a high correlation with GA. Therefore, animals with better conformation and proportions tend to have better functionality, with greater quality of gait movement and, consequently, higher total points. Animals with greater breeding values for this factor should be selected, since gait has a great economic relevance in the MM breed.

The CL, SL, CW and TP were grouped in the third latent factor (“robustness”). Santiago et al. (2014) observed that a longer croup in MM horses may be related to the need for a greater contraction force to obtain wider strides. In addition, a shorter SL is related to less displacement

of the forelimbs and smaller TP, promoting less flexion and impact damping of the limb with the ground (Jones, 1987; Lage et al., 2009). The CW, in turn, is related to the presence of longer muscles, capable of wide contractions, facilitating propulsion movements and engagement of the posterior ones (Nascimento, 1999). Therefore, these four traits are related to the animal's strength and vigour, which justifies the designation of this factor as “robustness”. All of them showed positive factor loadings (Table 3), which suggests that the factor score value increases as the measures of these traits also increase. Thus, it is desired to select animals that have intermediate to high genetic value estimates for this factor.

The HW and HL were grouped into the fourth latent factor (“head size”). The size of the head is important, as it is related to the racial expression of the horse. The head that presents disproportionate length and width promotes racial mischaracterization of the animal. According to Borton (1979), the head is the first part to be observed on the horse and must be attractive, light and proportional to the size of the body. In addition, the size of the head is related to the balance of the animal during movement, assisting its coordination.

The heritability estimates of latent factors were of moderate to high magnitudes (Table 4), indicating sufficient genetic variance to obtain genetic gains for all traits in which the factors are related. Therefore, the use of the four latent factors as selection criteria can contribute to the genetic improvement of the MM breed and to a lower computational demand in genetic analyses.

No previous studies were found addressing the estimation of genetic parameters for latent factors (pseudo-phenotypes) related to horse traits and derived from a factor analysis. However, heritabilities of low to high magnitudes have been reported for the original traits related to the latent factors of the present study. Zambolini et al. (1996) reported heritabilities of 0.49, 0.48 and 0.52 for WH, CH and BL in MM horses, respectively. These estimates were similar to the heritability obtained for the factor “height” (0.49) in the present study. For the morphological traits related to the factor’s “robustness” and “head size”, Zambolini et al. (1996) reported higher heritabilities, ranging from 0.40 to 0.78. In contrast, Bussiman et. al. (2018) reported heritability estimates for HL, HW, CL and CW of 0.30, 0.11, 0.15 and 0.21, respectively, in the Campolina breed. Regarding the traits grouped in the factor “gait ability”, Bussiman et. al. (2018) reported heritability of 0.07 for gait. No previous studies reporting genetic parameters for TPO and MP in MM breed were found.

The genetic correlations between the factors ranged from zero to high magnitudes, with notable values observed between factors F1 and F4 (0.80), F1 and F3 (0.44), F3 and F4 (0.33), F1 and F2 (-0.11), and F2 and F3 (-0.01) (Table 5). These positive genetic correlations suggest a synergistic effect from the genes that control these pseudo-phenotypes and indicate that

selection for height may result in a moderate to high indirect genetic gain for robustness and head size, respectively. Additionally, selection for robustness may also yield a moderate indirect genetic gain, especially for head size. Meanwhile, the negative correlations suggest that selection for head size and robustness may result in negative gains for gait ability.

The genetic correlations of the "gait ability" factor with the other factors ranged from zero to low positive values (Table 5), suggesting that selection for gait ability may result in a small indirect genetic gain, particularly for head size. The low magnitudes of these correlations with the gait ability factor indicate that selection for this factor will not lead to significant changes in the other traits, except for a low magnitude effect on head size.

Zamborlini et al. (1996) simultaneously estimated the effects of the environment and genetic parameters for twelve measurable body traits, as well as the visual points of body components and their proportions in MM breed horses during the genealogical registration. They found average heritability estimates of 0.56 ± 0.02 for the twelve traits and 0.62 ± 0.02 for the morphological score. This highlights the importance of the additive genetic component in the morphological characteristics of the animals. The average estimates of the score were higher than those reported by Molina et al. (1999) and Mota and Prado (2005), who found average heritabilities of 0.25 ± 0.04 and 0.42 ± 0.02 for Mangalarga and Andalusian horses, respectively.

CONCLUSION

The factor analysis proved to be an adequate alternative for reducing the dimensionality of variables and, consequently, the computational demand in the genetic evaluation of Mangalarga Marchador horses. Four latent factors (height, gait ability, robustness and head size) showed biological relevance and presented moderate to high heritability estimates, indicating the possibility of effective selection of horses based on these traits. In general, the correlations suggest that the selection of factors may result in negative to high genetic gains for other factors. Therefore, the four factors are recommended for use as selection criteria in Mangalarga Marchador horse breeding programs, which can contribute to the genetic improvement of the breed.

FUNDING

This research did not receive any specific grant from funding agencies in the public, commercial, or not-for-profit sectors.

ACKNOWLEDGMENTS

The Brazilian Association of Breeders of the Mangalarga Marchador Horse for the support and design of the animal data. To the Department of Animal Science, Federal University of Viçosa and teacher Fabyano Fonseca e Silva (*in memoriam*) for their invaluable contribution to this study.

REFERENCES

- Aspilcueta-Borquis, R. R. et al, 2012. Genetic parameters of total milk yield and factors describing the shape of lactation curve in dairy buffaloes. *Journal of Dairy Research* v.79, p.60-65. <https://doi:10.1017/S0022029911000823>.
- Bartlett, M., 1937. The statistical conception of mental factors. *British Journal of Psychology*, 28, 97-104. <https://doi:10.1111/j.2044.8295.1937.tb00863.x>
- Borton, A., 1979. *Biología del caballo*. In: Hintz, H. F.; Evans, J.W.; Borton, A. et al. (Eds.) *El caballo*. Zaragoza: Acribia, 233-334.
- Brown TA. *Confirmatory factor analysis for applied reaserch*. 2nd Ed. New York: Guilford Press; 2015.
- Bussiman, F. de O., Perez, B. da C., Ventura, R. V., Silva, F. F. e, Peixoto, M. G. C. D., Vizoná, R. G., Balieiro, J. C. de C., 2018. Genetic analysis of morphological and functional traits in Campolina horses using Bayesian multi-trait model. *Livestock Science*, 216, 119–129. <https://doi:10.1016/j.livsci.2018.08.002>.
- Cabral, G.C.; Almeida, F.Q.; Quirino, C.R. et al. 2004 Avaliação morfométrica de eqüinos da raça Mangalarga Marchador: medidas lineares. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.33, n.4, 989-1000. <https://doi:10.1590/s.1516-35982004000400019>.
- Cerny, B. A., and Kaiser, H. F. 1977. A study of a measure of sampling adequacy for factor-analytic correlation matrices. *Multivariate behavioral Research* 12 (1): 43–47. https://doi:10.1207/s15327906mbr1201_3.
- Conte, G.A., Serra, P., Cremonesi, S., Chessa, B., Castiglioni, A., Cappucci, E., Bulleri, and M. Mele. 2016. Investigating Mutual Relationship among Milk Fatty Acids by Multivariate Factor Analysis in Dairy Cows. *Livestock Science* 188, 124–394. 461. <https://doi:10.1016/j.livsci.2016.04.018>.
- Statu: breed standard, Belo Horizonte: ABCCMM, 2000. p. Available at: www.abccmm.org.br. Accessed: 10 Oct. 2019.
- Geweke, J., 1992. Evaluating the accuracy of samplingbased approaches to the calculation of posterior moments. In: J.M. Bernardo, J.O. Berger, A.P. Dawid, A.F.M. Smith (eds), *Bayesian Statistics 4*. Oxford University Press, New York, 625–631.

- Hair, J. F., W. C. Black, B. J. Babin, and R. E. Anderson. 2014. *Multivariate Data Analysis*. 7 ed. Harlow.
- Jones, W.E., 1987. *Horse Genetics and Breeding*. Sao Paulo: Roca, 666.
- Khattree, R., Naik, D.N., 2000. *Multivariate data reduction and discrimination 472 with SAS software*. New York: BBU and John Wiley Sons, 574.
- Lage, M. C. G. R., Bergmann, J. A. G. e Procópio, A. M. et al. 2009. Associação entre medidas lineares e angulares de equinos da raça Mangalarga Marchador. *Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária e Zootecnia*, 61, 968-979. <https://doi:10.1590/s0102-09352009888400027>.
- Lima, R. A. S. and Cintra, A. G. 2016. Review of the study of the horse agribusiness complex. Ministry of Agriculture, Brasília, DF.
- Macciotta, N. P. P., C. Dimauro, D. J. Null, G. Gaspa, M. Cellesi, and J. B. Cole., 2015. “Dissection of Genomic Correlation Matrices of US Holsteins Using Multivariate Factor Analysis.” *Journal of Animal Breeding and Genetics* 132 (1): 9–20. <https://doi:10.1111/jbg.12113>.
- Macciotta, N. P. P., A. Cecchinato, M. Mele, and G. Bittante., 2012. “Use of Multivariate Factor Analysis to Define New Indicator Variables for Milk Composition and Coagulation Properties in Brown Swiss Cows.” *Journal of Dairy Science* 95 (12): 7346–7354. <https://doi:10.3168/jds.2012-5546>.
- McDonald, R.P., 1985. *Factor analysis and related methods*. Lawrence Erlbaum Associates Publishers, Mahwah, NJ.
- Meyer, K., 2009. “Factor-Analytic Models for Genotype × Environment Type Problems and Structured Covariance Matrices.” *Genetics Selection Evolution* 11 (41): 1–11. <https://doi:10.1186/1297-9686-41-21>.
- Misztal, I., S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, T. Druet, and D.H. Lee. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). *Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. to Livest. Prod.* 28, 21– 22.
- Nakano, H.; Sato, S.; Uemoto, Y.; Kikuchi, T.; Shibata, T.; Kadowaki, H.; Kobayashi, E.; Suzuki, K. 2015. Effect of VRTN gene polymorphisms on Duroc pig production and carcass traits, and their genetic relationships. *Animal Science Journal*, v. 86, p. 125-131. <https://doi:10.1111/asj.12260>.
- Nascimento, J. F. 1999. *Mangalarga Marchador: morfofuncional treatise*. Belo Horizonte: Brazilian Association of Mangalarga Marchador Horse Breeders, 577.

- Paiva, J. T. et al., 2019. Genetic evaluation for latent variables derived from factor analysis in broilers. *British Poultry Science*, v.4, p.1-7. <https://doi:10.1080/00071668.2019.1680801>.
- Petry R. Atoji K., Skonieski F.R., Fantin RL, Diniz F.T. 2012. Linear measures and morphometric indices of horses in rural properties in the city of Francisco Belrão. *UTFPR Science and Technology Congress, Campus Dois Vizinhos*. 315-319.
- R Core Team. 2019. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R504 project.org/>.
- Santiago, J. M., Rezende, A. S. C., Lana, A. M. Q., Fonseca, M. G., Abrantes, R. G. P., Lage, J., Andrade e J. M., Resende, T. M. 2014. Comparação entre as medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador de marcha batida e marcha picada. *Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária e Zootecnia*, 66(2), 635-9. <https://doi:10.1590/1678.41626870>.
- Silva, F.F., Rosa, G.J.M., Guimarães, S.E.F.; Lopes, P.S.; DE Los Campos, G., 2011. Three-step Bayesian factor analysis applied to QTL detection in crosses between outbred pig populations. *Livestock Science*, v.142, p.210-215. <https://doi:10.1016/j.livsci.2011.07.012>.
- Teixeira, F. R. F., M. Nascimento, A. C. C. Nascimento, D. M. Paixão, C. F. Azevedo, F. F. Silva, C. D. Cruz et al. 2015. Determination of factors on pig traits. *Biometric Brazilian Journal* 33 (2): 130–138.
- Teixeira, F. R. F., M. Nascimento, A. C. C. Nascimento, F. F. Silva, C. D. Cruz, C. F. Azevedo, D. M. Paixão, et al. 2016. Factor Analysis Applied to Genome Prediction for High-Dimensional Phenotypes in Pigs. *Genetics and Molecular Research* 15 (2): 1–10. <https://doi:10.4238/gmr.15028231>.
- Zamborlini, L.C.; Bergmann, J.A.G.; Pereira, C.S. et al. 1996 Estudo genético quantitativo de medidas lineares da raça Mangalarga Marchador – 1. Estimativas de fatores de ambiente e parâmetros genéticos. *Revista Brasileira Ciências Veterinárias* 3, 33-37. <https://dx.doi.org/10.4322/rbcv.2015.041>.

4. ARTIGO 2

Estimação de parâmetros genéticos e avaliação da depressão endogâmica sobre características morfológicas e de desempenho em uma população de cavalos da raça Mangalarga Marchador

Cristian Silva Teixeira^a, Eula Regina Carrara^a, Daniele Botelho Diniz Marques^a, Delvan Alves da Silva^a, Renata Veroneze^a, Fabyano Fonseca e Silva^a, Yame Fabres Robaina Sancler-Silva^a

^a Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Av. P.H. Rolfs, 36570-900, Viçosa, Minas Gerais, Brazil

*Corresponding author, email: cristian.teixeira@ufv.br

RESUMO

O aumento da endogamia em populações de equinos, causada pelo aumento do acasalamento entre parentes próximos, é motivo de preocupação para o desenvolvimento de raças, uma vez que pode interferir em características morfológicas e, conseqüentemente, acarretar redução de desempenho atlético desses animais. Objetivou-se estimar parâmetros genéticos, coeficiente de endogamia, tamanho efetivo e avaliar a depressão endogâmica sobre características morfológicas e de desempenho em uma população de cavalos da raça Mangalarga Marchador (MM). Foram utilizados dados com informações genealógicas e de características morfológicas e de desempenho de 48075 animais de marcha batida oriundos do Serviço de Registro Genealógico da Associação Brasileira dos Criadores do Cavalo mangalarga Marchador (ABCCMM) entre 1950 e 2018. Foram estimadas as herdabilidades (h^2) das características, os coeficientes de endogamia para genealogia completa, o intervalo de geração e a depressão endogâmica das características. As estimativas de h^2 variaram de $0,23 \pm 0,009$ a $0,50 \pm 0,004$. A população de 222990 animais apresentou endogamia média de $0,013 \pm 0,035$, sendo 81593 animais endogâmicos (36,6%) com endogamia mínima (0,001), máxima (0,438) e média de $0,035 \pm 0,051$. Dos animais endogâmicos, 62755 (76,9%) eram fêmeas e 18838 (23,1%) eram machos. O intervalo de gerações foi de 9,1 anos e o tamanho efetivo médio da população foi igual a 26,61. Todas as características avaliadas, apresentaram depressão endogâmica. A cada 1% de aumento na endogamia ocorreu a redução em metros de 0,0371; 0,0380; 0,0030; 0,0228; 0,0131; 0,0168; 0,0168; 0,0430; 0,0129; 0,0145; 0,0412; 0,0004, respectivamente, para as características altura de cernelha; altura de garupa; comprimento da cabeça; comprimento do pescoço; comprimento do dorso lombo; comprimento da garupa; comprimento da espádua; comprimento do corpo; largura da cabeça; largura da garupa; perímetro torácico; e perímetro da canela. Além disso, para cada 1% de aumento na endogamia houve também uma redução de 2,1889 pontos para nota de morfologia e 0,4861 para nota total. A nota de andamento apesar de apresentar valor positivo, não foi estatisticamente diferente de zero. Os acasalamentos endogâmicos afetaram as características morfológicas e de desempenho da população de cavalos Mangalarga Marchador. É imprescindível orientar os acasalamentos de forma a manter a endogamia em níveis reduzidos, evitando assim a depressão endogâmica.

Palavras-chave: Equinos, melhoramento genético, acasalamentos, depressão endogâmica, morfologia, marcha.

INTRODUÇÃO

Os cavalos da raça brasileira Mangalarga Marchador (MM) surgiram há cerca de 200 anos a partir do cruzamento de cavalos da raça Alter, de origem portuguesa, com éguas nativas da região do sul de Minas Gerais. Esses cavalos Alter têm suas raízes na raça Andaluza espanhola da Península Ibérica. Os acasalamentos realizados para originar o MM resultaram em animais com temperamento dócil e porte elegante, selecionados especialmente para montarias confortáveis (ABCCMM, 2018).

Com a definição do padrão racial para esses cavalos, técnicos credenciados vêm conduzindo avaliações sucessivas da conformação e da qualidade da sela, com grande ênfase no tipo de marcha, que pode ser marcha batida ou picada (Meira, 2010). Para um cavalo MM expressar adequadamente a marcha, ele deve possuir o gene da marcha em seu genótipo, refletindo em características fenotípicas específicas, como angulações ósseas e proporções lineares próprias dos marchadores (Santiago, 2013).

Estudos acerca da raça MM se justificam pelo tamanho do rebanho nacional, sua ampla distribuição geográfica e importância econômica, sendo a raça mais prevalente em todo o território brasileiro (Santos, 2018). Dessa forma, muitos estudos são demandados para aprofundar a compreensão desta raça, como estudos genéticos e reprodutivos, visando auxiliar no direcionamento do melhoramento genético da mesma (Mendes, 2018; Santos, 2018). O acompanhamento da evolução genética deve ser uma prioridade em todas as raças (Euclides Filho et al., 2000). Assim, o estudo da variabilidade e do progresso genético da população não se concentra apenas nas mudanças necessárias, mas também nas análises do programa de seleção utilizado (Santos, 2018).

Particularmente na raça MM, há uma preocupação em relação à endogamia da população, uma vez que uma considerável parcela dos cavalos desta raça possui em seu pedigree um ancestral amplamente difundido que se perpetuou ao longo de várias gerações. A endogamia de um animal é determinada por meio de um cálculo quantitativo que estima a probabilidade de um indivíduo herdar alelos idênticos em um mesmo locus vindos de um ancestral comum, dado pelo acasalamento entre parentes próximos. O aumento da endogamia na criação de equinos é motivo de preocupação, uma vez que pode acarretar consequências negativas, como a diminuição das medidas morfométricas, como apontado por Gandini et al. (1992) e Bergmann et al. (1997). Além disso, quando o acasalamento entre indivíduos com ancestrais em comum resulta em um alto valor do coeficiente de endogamia, isso pode resultar em diminuição da fertilidade dos animais (Sairanen, 2009) e até reduzir a probabilidade de sobrevivência do feto (Langois, 2012).

Portanto, objetivou-se realizar estimar parâmetros genéticos, coeficiente de endogamia, tamanho efetivo por geração e avaliar a depressão endogâmica sobre características morfológicas e de desempenho em uma população de cavalos da raça Mangalarga Marchador.

MATERIAL E MÉTODOS

Dados fenotípicos

Os dados utilizados foram coletados de 48075 animais de marcha batida oriundos do Serviço de Registro Genealógico da Associação Brasileira dos Criadores do Cavalo Mangalarga Marchador (ABCCMM) entre 1950 e 2018. Estas informações incluem dados sobre sexo, data de nascimento, data da ficha de identificação do cavalo e características morfológicas e funcionais avaliadas por técnicos credenciados pela ABCCMM.

As características morfológicas foram medidas em cavalos com cerca de 36 meses de idade no momento da inspeção para registro e incluem: altura da cernelha (AC): distância do solo ao ponto mais alto da cernelha, entre as escápulas; altura da garupa (AG): medida do solo até a parte central e mais alta da região sacral, entre os ângulos internos dos ossos ilíacos; perímetro torácico (PT): circunferência da parte superior do corpo, desde o final da cernelha até a parte côncava do esterno; perímetro canela (PC): circunferência do terço médio do osso metacarpo; comprimento da cabeça (CC): distância entre a extremidade proximal da cabeça e a ponta do focinho; comprimento do pescoço (CP): distância entre a extremidade cranial do arco dorsal do atlas e o terço médio da borda medial da escápula; comprimento do dorso e lombo (CDL): distância entre a extremidade da cernelha e a tuberosidade ilíaca; comprimento da garupa (CG): distância entre a ponta da anca e a ponta da nádega; comprimento da espádua (CE): distância entre a borda dorsal da cartilagem escapular e a ponta da escápula; comprimento do corpo (CC): distância da ponta da escápula até a ponta da nádega; largura da cabeça (LC): distância entre as bordas laterais da testa na altura das órbitas oculares; e largura da garupa (LG): distância entre as extremidades direita e esquerda da região das ancas.

Além disso, foram realizadas avaliações de pontos morfofuncionais (PM), marcha (GA) e pontos totais (TPO). Os pontos morfofuncionais são atribuídos com base na avaliação visual do animal por um técnico da ABCCMM, levando em consideração características morfológicas e funcionais relacionadas à funcionalidade do animal, bem como gesto de marcha e galope. A pontuação varia de 1 a 100 com base no padrão racial definido pela ABCCMM, onde animais com maior harmonia de características morfofuncionais recebem pontuações mais altas. A descrição detalhada das características e seus valores na composição do PM está disponível na Tabela 1.

Tabela 1. Descrição das características consideradas na avaliação dos pontos morfofuncionais em cavalos da raça Mangalarga Marchador.

Especificação *	Pontuação
I – Aparência	4 pontos
II – Cabeça	5 pontos
III -Caracterização/Expressão	10 pontos
IV –Pescoço	4 pontos
V –Tronco	23 pontos
VI – Membros torácicos	24 pontos
VII – Membros pelvicos	20 pontos
VIII – Ação	10 pontos
Total	100 pontos

* I (avaliação geral do exterior e temperamento); II (orelha, fronte, chanfro, olhos, narinas, boca, garganta, focinho e bochecha); III (conformação e proporção das partes do corpo); IV (forma de pirâmide); V (cernelha, peito, tórax, dorso e lombo, ponta da anca, garupa, cauda); VI (Espadua, Antebraço, Joelho, canela, boleto, quartela e Casco); VII (Coxa/perna, Jarrete, Canela, Boleto, Quartela e Casco); VIII (Passo, Marcha e Galope).

A marcha é uma pontuação atribuída por avaliação visual, variando de 1 a 100, refletindo a qualidade do movimento da marcha do animal em diferentes velocidades. A GA é composta por oito critérios:

1) Apoio: refere-se ao contato do casco do animal com o solo e sua manutenção. Pode ser classificado como: apoio diagonal: quando um casco de membros diagonais está em contato com o solo; apoio lateral: quando um dos cascos laterais está em contato com o solo; tríplice apoio: quando um membro está em suspensão total e os outros três têm contato total ou parcial com o solo; apoio monopodal: quando três membros estão em suspensão total, e apenas um tem apoio total ou parcial no solo

2) Tipo de pegada: refere-se ao padrão deixado pelo casco ao passar e inclui: sobrepegada: quando o membro posterior se apoia no local onde o membro anterior havia apoiado; retropegada: quando o membro posterior se apoia atrás do rastro do membro anterior; ultrapegada: quando o membro posterior se apoia na frente do rastro do membro anterior.

3) Gesto de Marcha: avalia a qualidade do diagrama, que descreve a ordem de passadas e a sequência de contato dos membros do animal com o solo. Isso está relacionado à dissociação do animal e à qualidade dos movimentos posteriores e anteriores.

4) Comodidade: reflete o conforto que o cavalo oferece ao cavaleiro durante a cavalgada.

5) Estilo: representa uma combinação de postura nobre, elegância e harmonia de movimentos, com um conjunto de frente oblíqua ao solo e cauda justaposta ao corpo.

6) Adestramento - Avalia a resposta do cavalo as rédeas, pernas e assento, bem como o temperamento e a submissão do animal durante a avaliação da marcha.

7) Rendimento: avalia a facilidade com que um cavalo pode percorrer uma distância maior com o menor número possível de passadas. Isso inclui passadas elásticas e largas.

8) Regularidade: refere-se à manutenção do movimento da marcha durante a avaliação, com ênfase na manutenção do diagrama, movimento, estilo, conforto e ritmo consistentes durante a apresentação.

O Total de Pontos (PTO) é calculado como a soma dos pontos morfofuncionais e de marcha.

A avaliação da consistência dos dados foi realizada utilizando o software R (R Core Team, 2019). Foram excluídos animais duplicados; animais sem informação de sexo; sem data de nascimento; sem data de resenha; idade à resenha menor que 910 dias e maior que 5500 dias (ou seja, a idade à resenha foi limitada a 2,5 a 15 anos); animais com todos os fenótipos zerados; grupos de contemporâneos (GC) com menos de 5 animais; datas de resenha com menos de 5 animais. Também foram considerados dados perdidos notas de andamento e morfologia maiores que 100; nota total maior que 200; notas de morfologia e total iguais a zero; mensurações fora da amplitude de média ± 3 desvios-padrão dentro de GC para as características lineares apenas. Caso alguma nota fosse considerada como dado perdido, as demais notas da resenha também foram consideradas como dados perdidos.

A estatística descritiva dos dados após a análise de consistência está apresentada na Tabela 2.

Tabela 2. Número de mensurações (N), Média (centímetros), Desvio Padrão (DP), Coeficiente de Variação (CV%), Valores Mínimos (MIN), Valores Máximos (MAX) e Número de Grupos de Contemporâneos (NGC) das características morfológicas e de desempenho em cavalos da raça Mangalarga Marchador.

Características ¹	N	Média	DP	CV%	MIN	MAX	NGC
AC	48075	148	3	2,02	140	157	144
AG	48003	147	3	2,04	136	156	144
CC	47833	57	2	3,50	50	64	144
CP	47781	62	3	4,83	50	71	144
CCO	47909	48	4	8,33	37	77	144
CG	47675	51	3	5,88	41	62	144
CE	47798	52	2	3,84	43	65	144
CDL	47941	50	4	2,66	36	64	144
LC	48032	20	1	5,00	15	53	144
LG	47790	50	2	4,00	40	171	144
PT	47868	172	5	2,90	51	196	144
PC	47832	18	1	5,55	15	23	144
GA	46616	61,78	23,93	38,73	0	100,00	134
PM	46616	69,69	11,09	15,91	1,4	100,00	134
PTO	46616	131,47	34,03	25,88	1,4	196,00	134

¹ AC= Altura da cernelha; AG = Altura da garupa; CC = Comprimento da cabeça; CP = Comprimento do pescoço; CCO = Comprimento corpo; CG = Comprimento da garupa; CE = Comprimento da espádua; CDL = Comprimento do dorso - lombo; LC= Largura da cabeça; LG= Largura da garupa; PT = Perímetro torácico; PC = Perímetro canela; GA = Marcha; PM = Pontos morfofuncionais; PTO = Total de pontos.

Pedigree completo

O pedigree continha 222990 animais, filhos de 16815 pais e 80467 mães, de 7 gerações sobrepostas. As famílias paternas tiveram um tamanho máximo igual a 1226, as famílias maternas, 63. Os números de gerações máximas, completas e equivalentes foram iguais a 13, 5 e 7, respectivamente, considerando a primeira geração como zero.

Os coeficientes de endogamia para a genealogia completa foram obtidos por meio do programa RENUMF90 (Misztal et al., 2014), utilizando o método descrito por Meuwissen e Luo (Meuwissen e Luo, 1992), baseado na decomposição da matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco (A) proposta por Henderson (1976). Os coeficientes de endogamia

foram avaliados em função das gerações e em função do ano de nascimento por meio de regressões lineares.

O intervalo de gerações (L) foi obtido pela equação: $L = \frac{1}{S}$, em que S é a soma das idades dos pais ao nascimento da progênie, ponderada pela contribuição de cada classe de idade para a descendência recém nascida (Bijma e Woolliams, 1999). O valor de S foi obtido por meio da função `agecont()` do pacote `optiSel` (Wellmann, 2019) do programa R.

Considerando duas gerações sucessivas t e $t - 1$, a taxa de endogamia (ΔF_t) foi obtida de acordo com a equação: $\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$, em que F_{t-1} é a média dos coeficientes de endogamia da população atual e F_t é a média dos coeficientes de endogamia de seus pais. Então, o tamanho efetivo da população (Ne) foi calculado usando a equação:

$$Ne = \frac{1}{2\Delta F_t} \text{ (Falconer e Mackay, 1983).}$$

Herdabilidade e Depressão endogâmica

Os componentes de variância foram estimados pelo programa `blupf90+` (Misztal et al., 2002), utilizando o seguinte modelo animal misto unicaracterístico:

$$y = Xb + Za + e,$$

em que y é o vetor de fenótipos; b é o vetor de efeitos fixos; a é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos; X e Z são matrizes de incidência que relacionam b e a à y , respectivamente; e e é o vetor de resíduos.

As herdabilidades (h^2) das características foram calculadas a partir das estimativas dos componentes de variância. Os GC foram formados concatenando-se ano e estação de nascimento, sendo que as estações foram divididas em quatro: janeiro a março, abril a junho, julho a setembro e outubro a dezembro.

Como efeitos fixos, o GC, o sexo e o ano de resenha foram considerados. A idade à resenha foi considerada como covariável linear. Os coeficientes de endogamia também foram incluídos como covariável linear.

O coeficiente de regressão linear (β) da covariável endogamia foi usado para traçar a depressão endogâmica para cada característica. O intervalo de confiança (IC) dos β de cada característica foi obtido pela equação: $IC = \beta \pm (1,96EP)$, em que EP é o erro padrão de β . Foram considerados diferentes de zero aqueles β que não continham o valor zero no IC .

RESULTADOS

As estimativas de h^2 variaram de $0,23 \pm 0,009$ a $0,50 \pm 0,004$ (Tabela 3). A característica altura de cernelha (AC) apresentou a maior estimativa de h^2 , seguida da altura de garupa (AG) e a característica marcha (GA) apresentou a menor estimativa de h^2 , seguida da largura de garupa (LG).

Tabela 3. Estimativas de herdabilidades (h^2) das características.

Característica ¹	h^2 (EP)
AC	0,50 (0,004)
AG	0,49 (0,007)
CC	0,32 (0,003)
CP	0,30 (0,006)
CCO	0,32 (0,007)
CG	0,29 (0,001)
CE	0,29 (0,007)
CDL	0,42 (0,007)
LC	0,40 (0,002)
LG	0,25 (0,007)
PT	0,30 (0,010)
PC	0,29 (0,001)
GA	0,23 (0,009)
PM	0,29 (0,006)
PTO	0,27 (0,008)

¹ AC= Altura da cernelha; AG = Altura da garupa; CC = Comprimento da cabeça; CP = Comprimento do pescoço; CCO = Comprimento corpo; CG = Comprimento da garupa; CE = Comprimento da espádua; CDL = Comprimento do dorso - lombo; LC= Largura da cabeça; LG= Largura da garupa; PT = Perímetro torácico; PC = Perímetro canela; GA = Marcha; PM = Pontos morfofuncionais; PTO = Total de pontos; h^2 = Herdabilidade; EP = Erro padrão.

A população de 222990 animais apresentou endogamia média = $0,013 \pm 0,035$, sendo animais 81593 endogâmicos (36,6%) com endogamia mínima, máxima e média de 0,001, 0,438 e $0,035 \pm 0,051$, respectivamente. Dos animais endogâmicos, 62755 (76,9%) eram fêmeas e 18838 (23,1%) eram machos. O intervalo de gerações foi de 9,1 anos e o tamanho efetivo médio da população igual à 26,61.

A endogamia média por geração se manteve com valores aproximados por seis gerações e notável diferença da sexta para sétima geração como ilustrada na Figura 1.

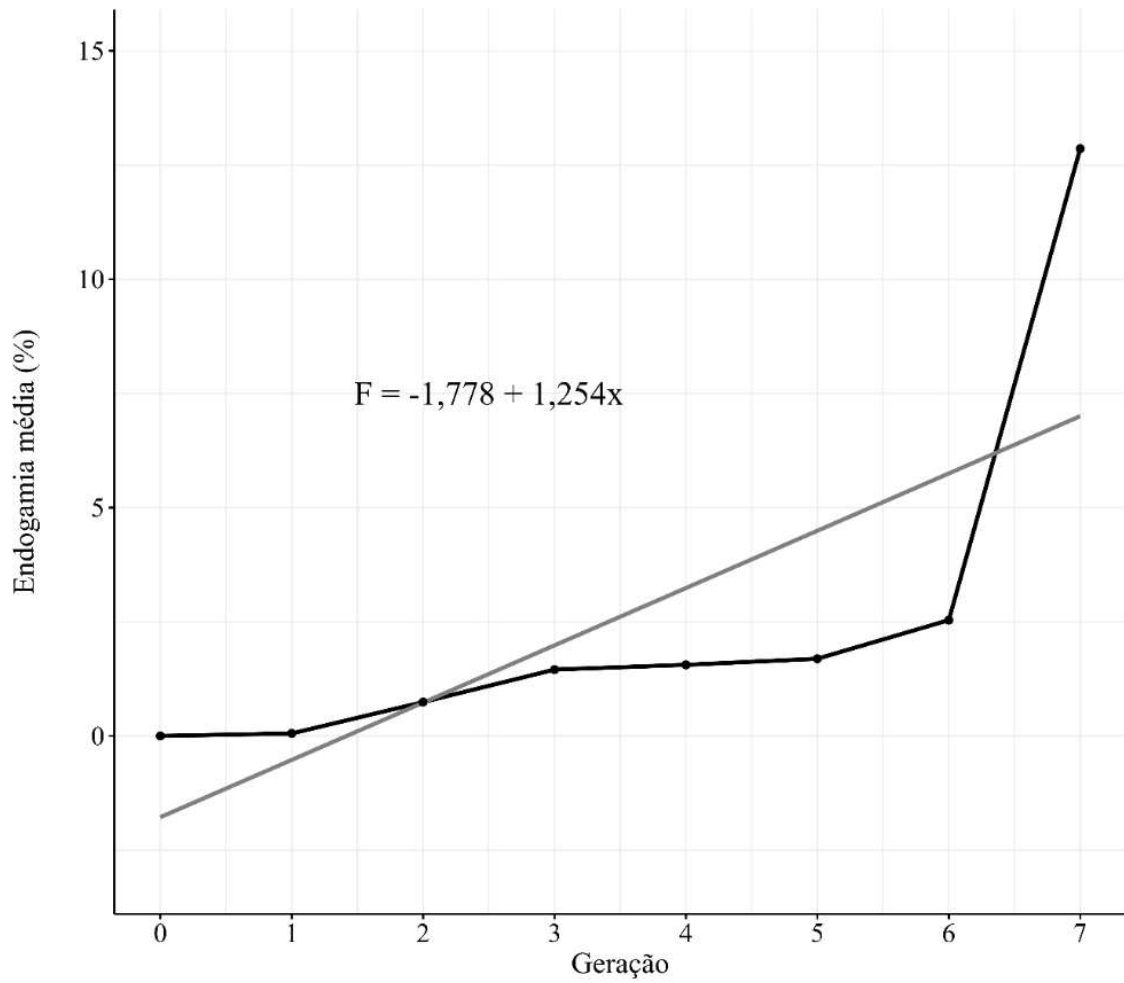


Figura 1: Endogamia média por geração em uma população de equinos da raça Mangalarga Marchador.

A endogamia média apresentou oscilações por ano de nascimento, como pode-se observar na Figura 2.

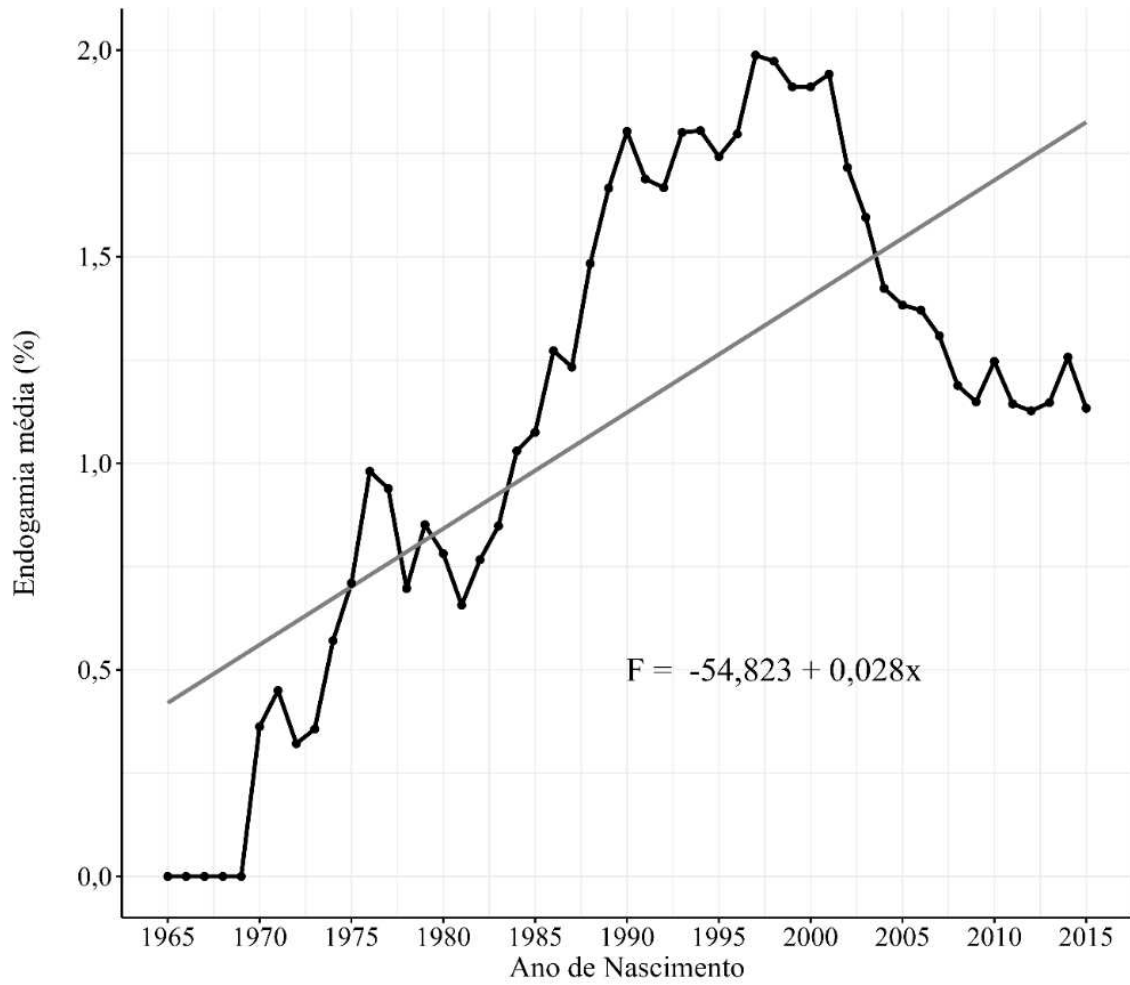


Figura 2: Endogamia média por ano de nascimento em uma população de equinos da raça Mangalarga Marchador.

O tamanho efetivo por geração encontra-se na Figura 3.

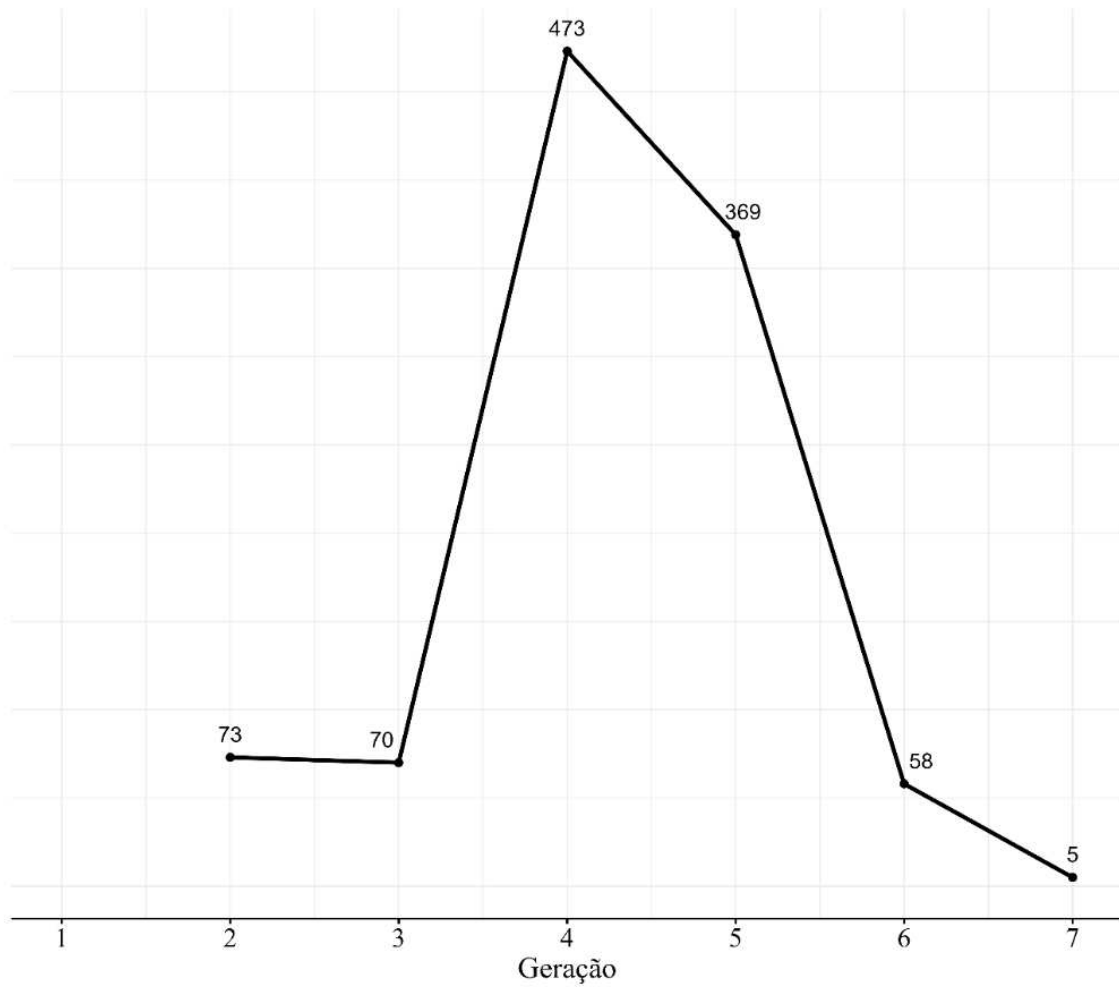


Figura 3: Tamanho efetivo por geração em uma população de equinos da raça Mangalarga Marchador.

A estatística descritiva dos coeficientes de endogamia está apresentada na Tabela 4. 67365 animais apresentaram endogamia menor ou igual a 0,05; 9030 animais apresentaram endogamia entre 0,06 e 0,10; 5810 animais apresentaram endogamia variando entre 0,21 e 0,30; e 94 animais apresentaram endogamia igual ou maior que 0,31.

Tabela 4. Número de animais (N), Média, Desvio Padrão (DP), Valores Mínimos (MIN), Valores Máximos (MAX) de endogamia em cavalos da raça Mangalarga Marchador.

Endogamia	N	Média	DP	MIN	MAX
Todos os animais	222990	0,0129	0,0354	0,000000	0,4375
Apenas os endogâmicos	85921	0,0335	0,0506	0,000015	0,4375
≤ 0,05	67365	0,0121	0,0123	0,000015	0,0499
0,06 a 0,10	9030	0,0718	0,0112	0,0601	0,0999
0,11 a 0,20	5810	0,1367	0,0188	0,1101	0,2000
0,21 a 0,30	1815	0,2511	0,0108	0,2106	0,2979
≥ 0,31	94	0,3374	0,0309	0,3125	0,44

Quanto à avaliação da depressão endogâmica das características lineares, doze características (altura de cernelha, altura de garupa, comprimento da cabeça, comprimento do pescoço, comprimento dorso lombo, comprimento da garupa, comprimento da espádua, comprimento do corpo, largura da cabeça, largura da garupa, perímetro torácico e perímetro da canela), a nota de morfologia e a nota total apresentaram depressão endogâmica, sendo destas o comprimento da cabeça e perímetro da canela praticamente zero. Já a nota de andamento, apesar de ter apresentado valor positivo, não foi estatisticamente diferente de zero como notado na Figura 4.

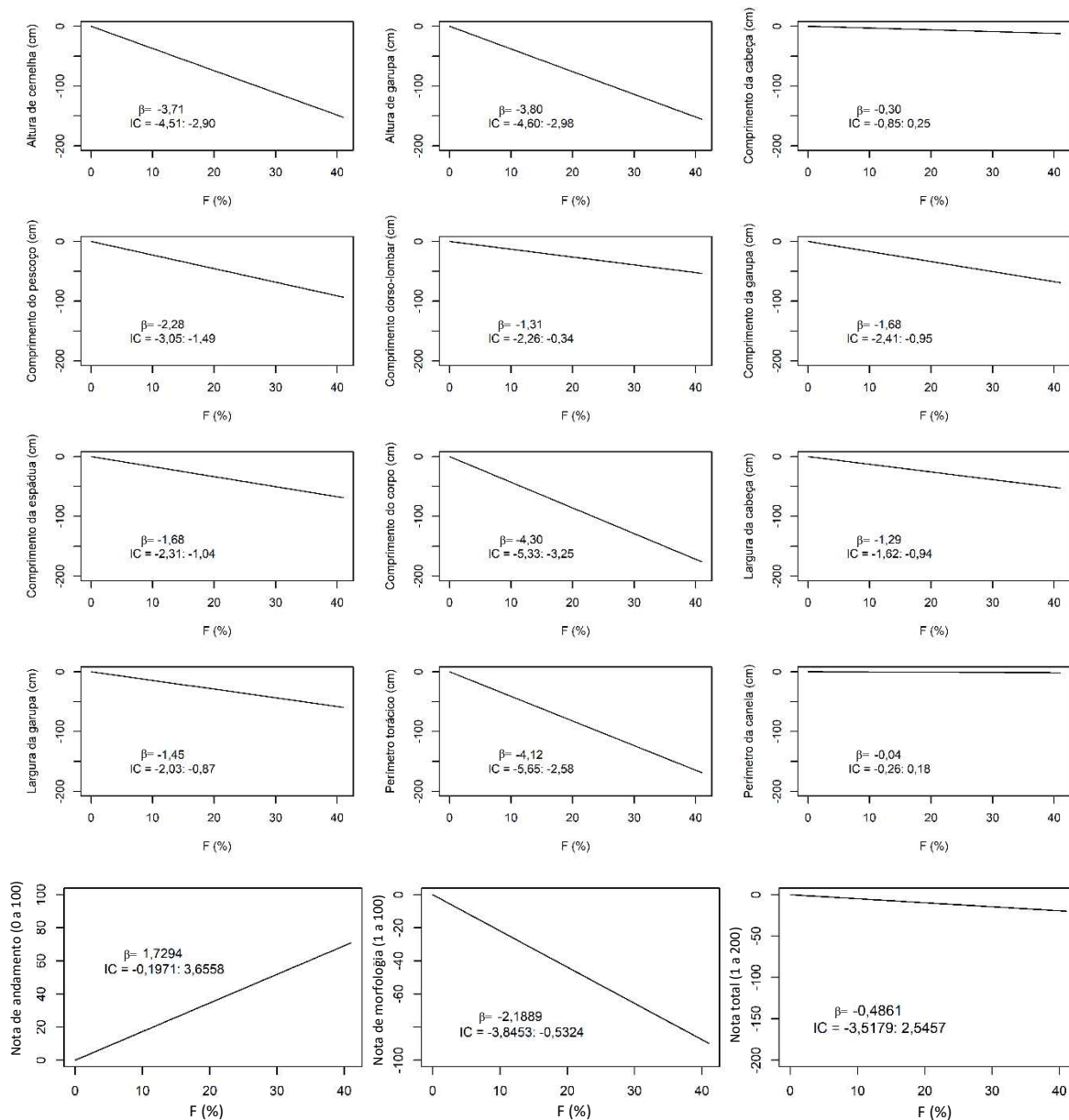


Figura 4: Depressão endogâmica das características lineares (altura de cernelha; altura de garupa; comprimento da cabeça; comprimento do pescoço; comprimento do dorso lombo; comprimento da garupa; comprimento da espádua; comprimento do corpo; largura da cabeça; largura da garupa; perímetro torácico; e perímetro da canela) e notas (morfologia; andamento; e total) em uma população de equinos da raça Mangalarga Marchador. β = Coeficiente de regressão; F= Coeficiente de endogamia e IC =Intervalo de confiança.

DISCUSSÃO

De modo geral, as estimativas de h^2 para as características avaliadas foram predominantemente de magnitude média, sugerindo que a seleção para essas características pode resultar em um progresso genético considerável na raça MM. A menor h^2 registrada para a marcha ($0,23 \pm 0,009$) pode estar relacionada à variação na qualidade do diagrama de marcha, o que afeta diretamente o andamento. Além disso, alguns criadores dão ênfase à seleção de algumas linhagens com melhores características morfológicas. Em muitos casos, os criadores não levam em conta as diferenças esperadas na descendência e o ganho genético em características importantes, exigindo, em vez disso, que os animais tenham excelentes qualidades morfológicas (Evans, 1987). A baixa ou moderada h^2 pode ser resultado de influências do manejo e do ambiente, indicando que uma proporção relativamente pequena da variação total se deve a efeitos genéticos (Falconer e Mackay, 1996).

As estimativas de h^2 encontradas neste estudo foram próximas às reportadas por Costa et al. (1997) para pôneis da raça Brasileira, onde os autores observaram valores de h^2 variando entre 0,25 e 0,52 para características de andamento e morfologia. Além disso, algumas h^2 também foram menores do que as estimadas por Molina et al. (1999) em um estudo com cavalos Andaluz, onde os autores obtiveram valores de h^2 variando entre 0,35 e 0,95 para características morfofuncionais, sugerindo que, na raça MM, essas características são menos influenciadas por fatores genéticos. Por outro lado, Bramante et al. (2016) encontraram herdabilidades moderadas (0,27 a 0,31) para características morfológicas em cavalos da raça Murgese. Bussiman et al. (2018), ao avaliarem animais de marcha da raça Campolina, encontraram estimativas de herdabilidade para características de conformação variando de 0,11 a 0,30, corroborando com algumas encontradas no presente estudo. Rustin et al. (2009), em seu estudo sobre características de conformação em cavalos Belgian Warmblood, observaram estimativas de herdabilidade variando de 0,15 a 0,55.

É importante notar que os resultados de diferentes estudos podem variar não apenas devido à análise de dados de raças distintas, mas também devido à utilização de metodologias diferentes na padronização dos dados para a estimação dos componentes de variância. No presente estudo, os dados morfométricos foram obtidos com auxílio de um hipômetro e fita métrica e as notas por meio de um sistema de pontuação linear através da avaliação visual, atribuindo valores às diferentes regiões corporais e marcha. Conforme apontado por Sánchez et al. (2013), valores de herdabilidades derivados do sistema de pontuação linear também podem fornecer informações de qualidade para a avaliação das características.

Essas variações metodológicas podem influenciar as conclusões sobre o impacto da endogamia nas características morfométricas dos equídeos. Em um estudo com a raça Haflinger

Italiana, Gandini et al. (1992) observaram uma redução significativa de 1,1 cm na altura da cernelha e de 2,9 cm no perímetro torácico com um aumento de 10% na endogamia. Bergmann et al. (1997), em pôneis da raça brasileira, identificaram uma tendência negativa nas características morfométricas em relação à endogamia, com uma média de redução de 2,8 cm na altura da cernelha, 2,9 cm na altura da garupa e 0,8 cm na largura da cabeça para cada aumento de 10% na endogamia.

A endogamia média por geração desse estudo ficou próximo de 2% ao longo de seis gerações sugerindo que ao longo dessas gerações houveram poucos acasalamentos consanguíneos ou com grau de parentesco próximos. Uma endogamia média dessa magnitude indica que os animais estudados apresentam uma diversidade genética relativamente boas, o que é positivo para a manutenção da diversidade genética da raça. No entanto, o aumento repentino para cerca de 12,8% de endogamia média na sétima geração indica que houve um aumento considerável no número de cruzamentos consanguíneos nessa geração específica. Isso pode ter várias razões, como o uso preferencial de certos garanhões, matrizes ou linhagens para reprodução, ou talvez uma redução na diversidade genética disponível devido às limitações na escolha de reprodutores. Assim, os criadores do MM devem considerar estratégias para manter a diversidade genética da raça e evitar níveis altos de endogamia conforme encontrado na sétima geração, como seleção de reprodutores e monitoramento contínuo da diversidade genética dentro do plantel.

Roos et al. (2015) relataram resultados semelhantes aos encontrados nesse trabalho, sendo um coeficiente médio de endogamia por geração de 2,27% para equinos Holsteiner até 2010, com um aumento gradual ao longo do tempo.

Laat (2001) observou coeficientes de endogamia em equinos da raça Campolina, com uma média de 3,7%. Por outro lado, Procópio, Bergman e Costa (2003) relataram um coeficiente médio de endogamia de 1,3% para a população completa da raça Campolina, atribuído em parte à inclusão de animais com genealogia desconhecida. Esse fato também pode justificar os resultados do presente estudo ao longo de seis gerações, onde a ABCCMM por períodos temporários podem (mas não é obrigatório) aderir ao livro aberto (possibilidade de registrar animais com genealogia desconhecida) colaborando para uma maior diversidade genética com uso desses indivíduos. Valera et al. (2005) encontraram um coeficiente médio de endogamia de 8,48% para equinos Andaluz, com uma discrepância no uso de garanhões Carthusian.

A raça Hispano-Árabe registrou valores máximos de endogamia de até 17% na década de 1990, devido a cruzamentos entre as raças originais e a Hispano-Árabe (Gómez; Ronquillo;

Delgado, 2011). Kjöllnerström, Gama e Oom (2015) observaram altos níveis de endogamia na raça Sorraia.

Na avaliação da endogamia média por ano de nascimento (1965 a 2015), observa-se que até o final da década de 1980, a taxa de endogamia permaneceu relativamente baixa. Isso pode ser atribuído à prática de cruzamentos mais diversos e à menor influência do uso de linhagens específicas. No entanto, a partir dos anos 1990 até o início dos anos 2000, há um aumento significativo na endogamia. Este aumento pode refletir mudanças nas estratégias de seleção e criação, como por exemplo uso de biotecnologias reprodutivas como a inseminação artificial e uso do sêmen congelado e resfriado. Fatores como o crescente aumento de indivíduos da raça e a seleção de determinadas características podem ter levado a um aumento no uso de um mesmo animal em diversos estados e regiões, visto que o uso de biotecnologias, como sêmen congelado, facilita a logística e reduz as barreiras geográficas.

Por outro lado, após o ano 2000, notamos uma queda na endogamia entre os indivíduos e pode ser justificado pelo uso de novos animais introduzidos na raça o que possibilitou realizar o manejo reprodutivo mais diversificados em diversas regiões. Além disso, uma maior colaboração entre criadores pode ter facilitado a identificação e o compartilhamento de informações sobre a diversidade genética, incentivando práticas de reprodução mais conscientes e voltadas para a preservação da variabilidade genética da raça. Altos níveis de endogamia podem levar à homozigose e à redução da diversidade genética, embora seja uma prática comum entre criadores no MM. A inseminação artificial também influencia o coeficiente de endogamia, aumentando o número de proles de pais campeões e contribuindo para a redução da variabilidade genética (Assis et al., 2009). Sendo assim, pelo mérito em competições, o mesmo ganhão será usado por diversas vezes em um mesmo plantel, reduzindo o uso de outros ganhões de outras linhagens.

Nesse sentido, Faria (2016) relata que a adoção de técnicas reprodutivas, como inseminação artificial e transferência de embrião, pode possibilitar que animais que participam de competições sejam utilizados como reprodutores, contribuindo para a formação de novas gerações. No entanto, no caso da espécie equina, esse método ainda não se mostrou eficaz na redução do intervalo médio de geração, tornando necessário explorar outras alternativas, como a avaliação de animais jovens.

O desejo de um intervalo de geração mais curto visa promover um avanço genético anual na população, com o objetivo de permitir a rápida introdução de características de qualidades econômicas desejáveis nos rebanhos e em programas de seleção (Faria, 2016). Em contraste com outras espécies voltadas para a produção, os equinos têm um intervalo médio de geração prolongado devido a características reprodutivas singulares, como a gestação longa, a idade

mais avançada em que as éguas têm seu primeiro parto e o tempo necessário para testar e confirmar o desempenho dos machos e das suas proles em competições (Pereira, 2012; Faria, 2016). Isso pode resultar em um aumento do intervalo de gerações. Além disso, os objetivos e investimentos tecnológicos de cada criador influenciam a variação da idade dos pais quando o primeiro filho nasce.

De acordo com Pereira (2008), a média do intervalo de geração para cavalos varia de 8 a 12 anos, corroborando com o encontrado neste estudo (9,0 anos). Em geral, os sistemas de criação evitam intervalos de geração mais longos, pois longos intervalos reduzem o ganho genético por unidade de tempo (Malhado et al., 2008). Contudo, do ponto de vista da conservação genética, intervalos de geração mais extensos são desejáveis, pois resultam em uma menor perda de variabilidade genética por ano e asseguram uma maior contribuição de um determinado animal para a composição genética da população (Veroneze et al., 2014). A eficácia dessa estratégia depende da gestão reprodutiva do rebanho e da prevenção de endogamia (Barros et al., 2011; Futuyma, 1992).

Resultados de intervalos de geração semelhantes aos deste estudo foram encontrados em animais de sela, como por Gonçalves et al. (2011) também em estudo com MM (8,98 anos), por Mota et al. (2006) para a raça Mangalarga (9,49 anos) e Faria (2016) para a raça Quarto de Milha. Além disso, pesquisas com outras raças apresentaram resultados comparáveis, 9,86 anos para o Brasileiro de Hipismo (Dias et al., 2000), 8,7 anos para o Campolina (Procópio et al., 2003), 10,43 anos para o MM (Baena et al., 2020), 10,11 anos para o Andaluz (Valera et al., 2005) e 7,94 anos para cavalos Sorraia (Pinheiro et al., 2013). Em sua grande maioria, exemplares dessas raças são submetidos a avaliações esportivas antes de serem utilizados na reprodução.

Os valores do intervalo de geração encontrados nesse estudo podem ser justificados pelo maior número de exemplares e conseqüentemente maior uso de biotecnologias reprodutivas (elevando pelo incremento no uso de técnicas como inseminação artificial, transferência de embriões, clonagem e fertilização *in vitro* para ampliar a disseminação genética de animais de alto valor, mesmo em regiões distantes), o que reduz as barreiras geográficas e possibilita uso de um mesmo animal em diferentes regiões. Esse efeito é particularmente relevante no contexto onde a mobilidade física dos animais é limitada, mas o acesso as técnicas avançadas de reprodução possibilitam a disseminação genética de forma mais ampla e eficiente. Além disso, as mudanças nos objetivos de seleção na criação de cavalos no Brasil, com um foco crescente nas práticas esportivas e de lazer em detrimento das atividades agrícolas e pecuárias, também podem ter contribuído para esse aumento (Lima et al., 2016).

Raças de cavalos de tração, apresentaram intervalos de geração mais curtos, como 4,5 anos para a raça Bretão (Parés, 1995), uma vez que essas raças normalmente não necessitam de testes esportivos e são incluídas mais cedo no grupo reprodutivo.

Em relação ao tamanho efetivo por geração, nota-se que as gerações 2 e 3 apresentam um tamanho efetivo relativamente baixo, com 73 e 70 animais, respectivamente. Isso sugere que essas gerações estão sujeitas a um risco maior de perda de variabilidade genética do plantel devido à menor quantidade de animais. No entanto, as gerações 4 e 5 mostram um aumento significativo no tamanho efetivo, com 473 e 369 animais, respectivamente. Isso indica um esforço bem-sucedido para aumentar o número de animais e, portanto, preservar uma maior diversidade genética. É possível que o manejo, como a introdução de novos reprodutores ou critério de seleção mais rigorosos tenham contribuído para esse crescimento.

Por outro lado, a geração 6 novamente exibe um tamanho efetivo relativamente baixo, com apenas 58 animais, representando um retrocesso em termos de diversidade genética, destacando a importância contínua do monitoramento genético da raça. Já geração 7, com apenas 5 animais, apresenta um tamanho efetivo baixo, o que é preocupante em termos de diversidade genética. Essa pequena população está em alto risco de endogamia e perda de características genéticas desejáveis.

Nesse sentido, estratégias de manejo genético, como o aumento do número de reprodutores, o controle da endogamia e a seleção criteriosa de animais para reprodução, são essenciais para garantir a preservação da variabilidade genética da raça.

Fonseca (1973) avaliando a estrutura populacional de um plantel da raça Campolina no período de 1952 a 1970, observou um tamanho efetivo (N_e) menor do que o número real em todos os quatro períodos avaliados. Os valores de N_e para os períodos 1952-1956, 1957-1961, 1962-1966 e 1967-1970 foram, respectivamente, 27,47; 32,20; 27,75 e 19,76 (Fonseca, 1973). Essa variação pode ser explicada pelo fato de que o tamanho efetivo populacional também é uma estimativa da quantidade de indivíduos em uma área geográfica que são capazes de se reproduzir (LAAT, 2001; PROCÓPIO, 2007). No caso específico do estudo de Fonseca (1973), foi observado que o período com um maior N_e coincidiu com uma maior proporção de machos e fêmeas em idade reprodutiva.

Para todas as características avaliadas, houve depressão endogâmica, mostrando que a cada 1% de aumento na endogamia há uma redução em centímetros de 3,7; 3,8; 0,3; 2,2; 1,3; 1,6; 1,6; 4,3; 1,2; 1,4; 4,1; 0,04 para as características altura de cernelha; altura de garupa; comprimento da cabeça; comprimento do pescoço; comprimento do dorso lombo; comprimento da garupa; comprimento da espádua; comprimento do corpo; largura da cabeça; largura da garupa; perímetro torácico e perímetro da canela respectivamente. Além disso, para cada 1%

de aumento na endogamia houve também uma redução de 2,18 pontos para nota de morfologia e 0,48 para nota total. A nota de andamento apesar de apresentar valor positivo (1,72 pontos), não foi estatisticamente diferente de zero.

Os resultados indicam que a endogamia está correlacionada com uma redução nas características morfológicas dos cavalos MM. À medida que a endogamia aumenta, observa-se uma tendência de diminuição na altura de cernelha, altura de garupa, comprimento da cabeça, e outras medidas, o que potencialmente compromete a conformação, padrão da raça e registro dos animais. Além disso, a diminuição tanto na nota de morfologia quanto na nota total levanta preocupações significativas, uma vez que essas notas são utilizadas para avaliar a conformidade dos cavalos com os padrões da raça. Esta queda nas notas sugere que a endogamia pode estar influenciando negativamente a conformidade dos animais aos padrões desejados da raça, afetando sua competitividade em exposições e eventos, bem como seu valor no mercado. A manutenção dessas características é fundamental para preservar a identidade e a qualidade da raça.

Esses resultados encontrados reforçam a importância de identificar a depressão endogâmica e seus impactos nas características morfológicas e de desempenho, a fim de prevenir a perda de diversidade genética e características relevantes. Criadores e a ABCCMM devem estar cientes dos efeitos da endogamia e adotar práticas de manejo genético que ajudem a mitigar tais efeitos. Isso pode incluir a introdução de indivíduos geneticamente distintos na população, o monitoramento cuidadoso dos acasalamentos para evitar a consanguinidade excessiva, e a implementação de estratégias de seleção que promovam a diversidade genética e a expressão das características desejáveis da raça.

O acasalamento entre indivíduos com ancestrais em comum resulta em um alto coeficiente de endogamia, reduzindo a probabilidade de sobrevivência do feto (Langlois, 2012), além de diminuir a fertilidade dos animais (Sairanen, 2009; Weigel e Lin, 2000), destacando a importância de manter um nível controlado de endogamia nos plantéis.

Embora a depressão endogâmica seja mais evidente em características relacionadas à reprodução e produção (Hansson e Westerberg, 2002), há divergências nos resultados entre diferentes estudos. Enquanto alguns relatam pouca ou nenhuma alteração nas características morfométricas em resposta à endogamia (Van Eldik et al., 2006), outros observam impactos negativos no desempenho reprodutivo (Klemetsdal e Josen, 1989; Radomska et al., 1983).

Estudos sobre os efeitos da endogamia nas características morfométricas de cavalos são escassos. Em estudos realizados com raças como a Haflinger Italiana e pôneis brasileiros, observou-se uma diminuição significativa em algumas medidas morfométricas à medida que a endogamia aumentava, embora os resultados em pôneis não tenham mostrado significância

estatística. Em contextos específicos, como na seleção de pôneis para redução de tamanho visando preços mais altos no mercado, a endogamia pode ser benéfica para os criadores. Esse objetivo não existe na raça MM, pois animais que reduzem o tamanho das medidas podem não atingir as medidas mínimas definidas pelo padrão racial e não serem registrados, levando a uma redução no valor econômico e depreciação zootécnica do animal (ABCCMM, 2018).

Em contrapartida, Chmiel et al. (2001) identificaram um efeito positivo da endogamia no desempenho de características morfométricas de cavalos Árabes. Entre um grupo de 685 cavalos, as medidas morfológicas mais elevadas foram encontradas nos animais com um coeficiente de endogamia superior a 10%. Cunningham (1991), em estudo com animais da raça Puro-Sangue Inglês, observou uma endogamia de 12,5%. Ele comparou as taxas de nascimento de animais com diferentes níveis de endogamia e constatou uma redução de 7% para cada aumento de 10% no coeficiente de endogamia.

O andamento, apesar de ter apresentado valor positivo, não foi estatisticamente diferente de zero. O andamento é uma característica que tem grande peso na raça e por isso tem maior atenção por grande parte dos criadores, o que pode justificar o resultado encontrado. Isso pode estar relacionado com o uso frequente de um mesmo reprodutor ou reprodutoras, visto que aumenta o grau de parentesco entre os indivíduos subsequentes. O uso repetido do mesmo animal é notável em diversos planteis, visto que alguns proprietários têm certa resistência em usar outras linhagens a fim de manter a integralidade da criação.

Outro fator que pode ter contribuído para isso foi a inclusão de animais no livro aberto temporário de registros, sendo aberto e subsequente fechado de tempos em tempos. Essa abertura permite o registro de animais sem genealogia comprovada ou com pais desconhecidos, e a avaliação dos animais é realizada com base em seu fenótipo por uma comissão técnica, dando maior atenção ao andamento. Esses animais admitidos na raça foram utilizados em acasalamentos posteriores, o que poderia ter tido um impacto positivo para essa característica.

Uma estratégia eficaz para controlar a endogamia a longo prazo é priorizar o uso de reprodutores com um baixo coeficiente médio de parentesco, uma vez que isso aumenta a probabilidade de compartilhar uma menor porcentagem de alelos com o restante da população. Além disso, é muito importante criar programas de acasalamento com base na endogamia, uma vez que programas bem estruturados ajudam a minimizar riscos, equilibrando a utilização dos exemplares para maximizar a diversidade genética.

CONCLUSÃO

O intervalo de geração em equinos é grande, principalmente quando se considera a duração da gestação, avaliação de desempenho da prole e utilização prolongada dos mesmos indivíduos. O tamanho efetivo variou ao longo das gerações, destacando a importância contínua do monitoramento genético do Mangalarga Marchador. Os acasalamentos endogâmicos comprometeram as características morfológicas e de desempenho na população estudada. É necessário que os acasalamentos sejam direcionados com o objetivo de manter a endogamia em valores baixos, evitando a depressão endogâmica.

REFERÊNCIAS

- ABCCMM. **Associação Brasileira dos Criadores do Cavalo Mangalarga Marchador**. Disponível em. Acesso em: 12 ago. 2018.
- ASSIS, J.B.; LAAT, D. M.; PEIXOTO, M. G.; BERGMANN, J. A.; FONSECA, C. G.; CARVALO, M. R. Genetic diversity and population structure in Brazilian Mangalarga Marchador horses. **Genetic and Molecular Research**, v. 8, n. 4, p. 1519-1524, 2009.
- BAENA, M. M.; Gervásio, I. C.; Rocha, R. F. B.; Procópio, A. M.; Moura, R. S. and Meirelles, S. L. C. 2020. Population structure and genetic diversity of Mangalarga Marchador horses. **Livestock Science** 239:104109.
- BARROS, E. A.; Ribeiro, M. N.; Almeida, M. J. O. and Araújo, A. M. 2011. Estrutura populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. **Archivos de Zootecnia** 60:543-552.
- BERGMANN, J.A.G.; COSTA, M.D.; MOURÃO, G.B. et al. Formação e Estrutura Genética da Raça Pônei Brasileira. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v.49, p.251-259, 1997.
- BIJMA, Piter; WOOLLIAMS, John A. Prediction of genetic contributions and generation intervals in populations with overlapping generations under selection. **Genetics**, v. 151, n. 3, p. 1197-1210, 1999.
- BINNS, M. M.; BOEHLER, D. A. BAILEY, E.; LEAR, T. L. CARDWELL, J. M.; LAMBERT, D. H. Inbreeding in the Thoroughbred horse. **Animal Genetics**, v. 43, p. 340-342, 2011.
- BRAMANTE, G.; CITO, A.M.; CIANI, E.; PIERAGOSTINI, E. Multi-trait animal model estimation of genetic parameters for morphometric measurements in the Murghese horse breed. **Livestock Science**, v.191, p.139–142, 2016.
- BUSSIMAN, F. DE O., PEREZ, B. DA C., VENTURA, R. V., SILVA, F. F. E, PEIXOTO, M. G. C. D., VIZONÁ, R. G., ... BALIEIRO, J. C. DE C. 2018. Genetic analysis of morphological and functional traits in Campolina horses using Bayesian multi-trait model. **Livestock Science**, 216, 119–129. doi:10.1016/j.livsci.2018.08.002.
- CHMIEL K.; GAJEWSKA A.; SOBCZUK D. Effects of the rate of inbreeding on evaluation results (scoring) of purebred Arabian horses taking part in shows. **Journal of Dairy Science**, Virginia, v. 59, n. 9, p. 135-139. 2003.
- COSTA, M.D. **Estudo genético – quantitativo das medidas lineares do Pônei da Raça Brasileira**. Belo Horizonte: Escola de Veterinária da UFMG, 1997. 105 p. (Dissertação de Mestrado).
- COSTA, M. D.; BERGMANN, J. A. G.; RESENDE, A. S. C. FONSECA, C. G. Análise temporal da endogamia e do tamanho efetivo da população de equinos da raça Mangalarga Marchador. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 57, n. 1, p. 112-119, 2005.
- CUNNINGHAM, P. The genetics of Thoroughbred horses. **Journal Animal Science**, Filadélfia, v. 264, n. 4, p. 56-62, 1991.
- DIAS, I. M. G. and Bergmann, J.; 2000. Formação e estrutura populacional do equino Brasileiro de Hipismo. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia** 52:647-654.
- DIECKERSON, G.E. (1973) Inbreeding and heterosis in animal. In: Proc.Anim. Breed. Genet. **Symp. Amer. Soc. Anim. Sci. And Amer. Dairy Sci. Assoc.**, Champaign. 54-77p.
- EUCLIDES FILHO, K.; SILVA, L. O. C.; ALVES, R. G. O.; FIGUEIREDO, G. R. Tendência genética na raça Gir. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 787- 791, 2000.
- EVANS J. W. Horse Breeding and Management, **World Animal Science** – C7, 1987.
- FALCONER, Douglas Scott; MACKAY, Trudy FC. **Quantitative genetics**. London: Longman, 1983.
- FARIA, R. A. S. **Estrutura populacional e parâmetros genéticos da característica classe de tempo em corridas de equinos da raça Quarto de Milha**. 2016. 69f. Dissertação (Mestrado Genética e Melhoramento Animal) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Unesp, Jaboticabal, São Paulo.

- FUTUYMA, D. J. 1992. *Biologia Evolutiva*, 2nd ed. **Sociedade Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto.
- GANDINI, G.C.; BAGNATO, A.; MIGLIOR, F. Inbreeding in the Italian Haflinger horse. **J. Anim. Breed. Genet.**, v.109, p.433-443, 1992.
- GÓMEZ, M.; RONQUILLO, J.; DELGADO, J. V. Comportamiento de los niveles de consanguinidad en la raza equina Hispano-Árabe. **Actas Iberoamericanas de Conservación Animal**, v. 1, p. 89-101, 2011.
- GONÇALVES, R. W.; COSTA, M. D.; ROCHA JÚNIOR, V. R.; COSTA, M. R.; SILVA, E. S. Efeito da endogamia sobre características reprodutivas em um rebanho da raça Mangalarga Marchador. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 12, n. 3, p. 641-649, 2011.
- GONÇALVES, R. W.; COSTA, M. D.; REZENDE, A. S. C.; ROCHA JÚNIOR, V. R.; LEITE, J. R. A. Efeito da endogamia sobre características morfométricas em cavalos da raça Mangalarga Marchador. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 64, n. 2, p. 419-426, 2012.
- HANSSON, B.; WESTERBERG, L. Invited review on the correlation between heterozygosity and fitness in natural populations. **J. Hered.**, v.11, p.2467-2474, 2002.
- HENDERSON C.R. (1976) A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in the prediction of breeding values. **Biometrics**, 32, 69– 83.
- KJÖLLERSTRÖM, H. J.; GAMA, L. T.; OOM, M. M. Impact of inbreeding on fitness-related traits in the highly threatened Sorraia horse breed. **Livestock Science**, v. 180, n. , p. 84-89, 2015.
- KLEMETS DAL, G.; JOHNSON, M. Effect of inbreeding on fertility in Norwegian Trotter. **Livestock Production Science**, Lincoln, v. 21, n. 12, p. 263-272, 1989.
- LAAT, D. M. **Contribuição genética de fundadores e ancestrais na raça Campolina**. 2001. 41f. Mestrado em genética do Departamento de Biológicas da Universidade Federal de Minas Gerais – Belo Horizonte, Minas Gerais.
- LANGLOIS B.; BLOUI N C.; CHAFFAUX S. Analysis of several factors of variation of gestation loss in breeding mares. **The Animal Consortium**, 6:12, p 1925-1930, 2012.
- LIMA, R. A. S. and Cintra A. G. 2016. **Revisão do estudo do complexo do agronegócio do cavalo**, MAPA, Brasília.
- MacCluer J W, Boyce A J, Dyke B, Weitkamp L R, Pfenning D W, Parsons C J (1983). **Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses**. *J Hered* 74 (6): 394-399.
- MALHADO, C. H. M.; Carneiro, P. L. S.; Pereira, D. G. and Martins Filho, R. 2008. **Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia**. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 43:1163-1169.
- MEIRA, C. T. **Avaliação de características morfofuncionais de cavalos da raça mangalarga marchador**. – Diamantina: UFVJM, 2010.48 p. Tese (Doutorado em Zootecnia)-Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, 2010.
- MENDES, L. J.; PEREIRA, L. F. L.; WENCESLAU, R. R.; OLIVEIRA, N. J. F. JAYME, D. G. Evolução de nascimento e registro de equinos da raça campolina. *Rev. Investigação Científica e Técnica em Ciência Animal*. Editora Atena 2018. Cáp 7, pág 64-72; 2018.
- MEUWISSEN T.H.E., Luo Z. (1992) Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genet. Sel. Evol.**, 24, 305– 313.
- MISZTAL I., Tsuruta S., Lourenco D.A.L., Aguilar I., Legarra A., and Vitezica Z. 2014. **Manual for BLUPF90 family of programs**.
- MOLINA A., M. VALERA, SANTOS, R. A. RODERO. Genetic parameters of morphofunctional traits in Andalusian horse. **Livestock Production Science**, N. 60, pp. 292-303, 1999.
- MOTA, M. D. S.; Prado, R. S. A. and Sobreiro, J. 2006. Caracterização da população de cavalos Mangalarga no Brasil. **Archivos de Zootecnia** 55:31-37.

- PARÉS, P. 1995. Manejo de los sementales Bretones Ceretanos: La necesidad de “consumir en reproducción”. *AYMA* 35:9-13.
- PEREIRA, J. C. C. 2008. **Melhoramento Genético Aplicado à Produção Animal**. 5th ed. FEPMVZ Editora, Belo Horizonte.
- PEREIRA, G. L.; MEIRA, C. T.; SILVA, J. A. II V.; CHARDULO, L. A. L.; CURI, R. A. Estimativas de parâmetros genéticos para características morfométricas em cavalos Quart de Milha de corrida. *Ciência & Tecnologia*, v. 6, número especial, p. 44-48, 2014.
- PINHEIRO, M.; KJÖLLERSTRÖM, H. J.; OOM, M. M. Genetic diversity demographic structure of the endangered Sorraia horse breed assessed through pedigree analysis. *Livestock Science*, v. 152, n. 1, p. 1-10, 2013.
- PROCÓPIO, A. M.; BERGMANN, J. A. G.; COSTA, M. D. Formação de demografia da raça Campolina. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v. 55, n. 3, 2003.
- QUEIROZ, S. A.; ALBUQUERQUE, L. G.; LAZONI, N. A. Efeito da endogamia sobre características de crescimento de bovinos da raça Gir. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 29, n. 4, p. 1014-1019, 2000.
- RADOMSKA M.J.; BRZEZIŃSKA U.; FISZDON, K. Wpływ inbredu na poziom niektórych cech koni arabskich. *Theriogenology*, New York, v. 3, n. 4, p. 15-16. 1983.
- ROOS, L.; HINRICH, D.; NISSEN, T.; KRIETER, J. Investigation in to genetic variability in Holstein horse breed using pedigree data. *Livestock Science*, v. 177, p. 25-32, 2015.
- RUSTIN, M.; JANSSENS, S.; BUYS, N.; GENGLER, N. Multi-trait animal model estimation of genetic parameters for linear type and gait traits in the Belgian Warmblood horse. *Journal Animal Breeding and Genetics*, v.126, p.378-386, 2009.
- SÁNCHEZ, M.J.; GÓMEZ, M.D.; MOLINA, A.; VALERA, M. Genetic analyses for linear conformation traits in Pura Raza Español horses. *Livestock Science*, v.157, p.57-64. 2013.
- SAIRANEN, J. et. al.; Effects of inbreeding and other genetic components on equine fertility. *The Animal Consortium*. 3:12, p 1662–1672, 2009.
- SANTIAGO, J. M. **Caracterização morfométrica da raça Mangalarga Marchador**– Belo Horizonte: UFMG, 2013. 110 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) -Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária. 2013.
- SANTOS, B. A. **Análise genômica da estrutura populacional em cavalos da raça brasileira mangalarga marchador**. 2018. 40f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Universidade estadual de São Paulo, Jaboticabal, 2018.
- VAN ELDIK, P., VAN DER WAAIJ, E.H., DUCRO, B. et al. Possible negative effects of inbreeding on sêmen quality in Shetland pony stallions. *Theriogenology*, v.65, p.1159-1170, 2006.
- VALERA, M.; MOLINA, A.; GUTIÉRREZ, J. P.; GÓMEZ, J.; GOYACHE, F. Pedrigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livestock Production Science*, v. 95, n. , p. 57-66, 2005.
- VERONEZE, R.; Lopes, P. S.; Guimarães, S. E. F.; Guimarães, J. D.; Costa, E. V.; Faria, V. R. and Costa, K. A. 2014. Using pedigree analysis to monitor the local Piau pig breed conservation program. *Archivos de Zootecnia* 63:45-54.
- WEIGEL, K.A.; LIN, S.W. Use of computerized mate selection programs to control inbreeding of Holstein and Jersey cattle in the next generation. *Journal of Dairy Science*, Virginia, v. 83,n. 10, p. 822-828, 2000.
- WELLMANN, R. Optimum contribution selection for animal breeding and conservation: the R package optiSel. *BMC Bioinformatics* 20, 25 (2019).

5. CONCLUSÃO GERAL

O melhoramento genético de equinos é complexo devido à longa gestação, ao grande intervalo entre gerações e à dificuldade na seleção precoce de características desejáveis. Portanto, a colaboração entre instituições de pesquisa, associações e criadores desempenha um papel fundamental na busca pelo avanço genético da raça. Nesse contexto, a análise de fatores e a avaliação genética demonstraram ser ferramentas extremamente úteis para a definição de parâmetros e a interpretação da evolução da raça Mangalarga Marchador (MM). É notável que os acasalamentos endogâmicos comprometem as características morfológicas e de desempenho em populações de equinos MM, sendo fundamental adotar estratégias de acasalamento direcionadas e manter a endogamia em níveis baixos recomendando criar programas de acasalamento com base na endogamia, para prevenir a depressão endogâmica.